

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION  
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété  
Intellectuelle  
Bureau international



(43) Date de la publication internationale  
18 octobre 2001 (18.10.2001)

PCT

(10) Numéro de publication internationale  
WO 01/77335 A2

(51) Classification internationale des brevets<sup>7</sup> :  
C12N 15/31, C07K 14/195, 19/00, C12Q 1/68, C12N  
15/63, 1/21, A01K 67/027, C12N 15/62, C07K 16/12,  
17/00, G01N 33/569, 33/68, A61K 48/00, 39/02, 39/40

(21) Numéro de la demande internationale :  
PCT/FR01/01118

(22) Date de dépôt international : 11 avril 2001 (11.04.2001)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :  
00/04629 11 avril 2000 (11.04.2000) FR

(71) Déposant (pour tous les États désignés sauf US) : IN-  
STITUT PASTEUR [FR/FR]; 28, rue du Docteur Roux,  
F-75015 Paris (FR).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) :  
BUCHRIESER, Carmen [FR/FR]; 11, rue de l'Amiral  
Mouchez, F-75013 Paris (FR). FRANGEUL, Lionel  
[FR/FR]; 2, rue Mouton Duvernet, F-75014 Paris (FR).  
COUVE, Elisabeth [FR/FR]; 6, rue de Limours, F-78120  
Rambouillet (FR). RUSNIOK, Christophe [FR/FR]; 44,  
rue des Gallardons, F-92350 Le Plessis-Robinson (FR).  
FSIHL, Hafida [FR/FR]; 22, rue de Rivoli, F-75004  
Paris (FR). DEHOUX, Pierre [FR/FR]; 29, rue de Buci,  
F-75006 Paris (FR). DUSSURGET, Olivier [FR/FR];  
13, rue Titon, F-75011 Paris (FR). CHETOUANI, Farid  
[FR/FR]; 13, rue Max Dormoy, F-94230 Cachan (FR).

NEDJARI, Hafed [FR/FR]; 8, allée Henri Sellier, F-92800  
Puteaux (FR). GLASER, Philippe [FR/FR]; 72, rue de la  
Glacière, F-75013 Paris (FR). KUNST, Frank [FR/FR];  
46, rue Barbès, F-94200 Ivry-sur-Seine (FR). COSSART,  
Pascale [FR/FR]; 10, rue Théophraste Renaudot, F-75015  
Paris (FR). DANIELS, Justin [DE/DE]; Neubergstrasse  
18, 97072 Würzburg (DE). GOEBEL, Werner [DE/DE];  
Am Happach 12, 97218 Gerbrunn (DE). KREFT, Jürgen  
[DE/DE]; Kopernikusstrasse 18, 97218 Gerbrunn (DE).  
KUHN, Michael [DE/DE]; Kaulberg 9, 97478 Wertheim  
(DE). NG, Eva [DE/DE]; Friedrich-Ebert-Ring 4-5,  
97072 Würzburg (DE). VAZQUEZ-BOLAND, José,  
Antonio [ES/ES]; Pitagoras 19, E-28230 Las Rozas (ES).  
DOMINGUEZ-BERNAL, Gustavo [ES/ES]; Msa. Vda  
de Almada n° 58, Alcobendas, E-28100 Madrid (ES).  
GARRIDO-GARCIA, Patricia [ES/ES]; Plaza Condesa  
de Gavia 5, E-28020 Madrid (ES). TIERREZ-MAR-  
TINEZ, Alberto [ES/ES]; Paseo de la Chopera n° 74,  
Alcobendas, E-28100 Madrid (ES). AMEND, Alexan-  
dra [DE/DE]; Vogelsang 4, 35619 Braunfels (DE).  
CHAKRABORTY, Trinad [DE/DE]; Altenfeldsweg  
28, 35394 Giessen (DE). DOMANN, Eugen [DE/DE];  
Dreispietz 23, 35444 Biebertal (DE). HAIN, Torsten  
[DE/DE]; Rodtgärten 14, 35396 Giessen (DE). BERCHE,  
Patrick [FR/FR]; 5, avenue Maurice, F-92380 Garches  
(FR). CHARBIT, Alain [FR/FR]; 15, rue de Rungis,  
F-75013 Paris (FR). DURANT, Lionel [FR/FR]; 10,  
rue de Daguerre, F-75014 Paris (FR). PEREZ-DIAZ,  
José-Claudio [ES/ES]; Montearagon 6G, E-28033 Madrid  
(ES). BAQUERO, Fernando [ES/ES]; Ardemans 62,  
E-28028 Madrid (ES). GARCIA DEL PORTILLO,  
Francisco [ES/ES]; Gimialcon 19, Colmenar Viejo,  
E-28770 Madrid (ES). GOMEZ-LOPEZ, Nuria [ES/ES];  
Villacastin 12, E-28034 Madrid (ES). MADUENIO, En-  
carna [ES/ES]; Paseo de la Chopera n° 121, Alcobendas,  
E-28100 Madrid (ES). de PABLOS, Betriz [ES/ES];

[Suite sur la page suivante]

(54) Title: *LISTERIA MONOCYTOGENES* GENOME, POLYPEPTIDES AND USES

(54) Titre : GENOME DE *LISTERIA MONOCYTOGENES*, POLYPEPTIDES ET UTILISATIONS

(57) Abstract: The invention concerns the genome sequence and nucleotide sequences of *Listeria monocytogenes* EGD-e. The invention also concerns polypeptides of said organism, in particular surface or cell envelope polypeptides, or polypeptides involved in the different metabolism cycles, in particular vitamin B12 biosynthesis. The invention further concerns uses of said sequences, and various tools enabling identification of *L. monocytogenes* or associated species. Finally, the invention concerns modified <I>L</I> <I>monocytogenes</I> strains, and pharmaceutical or vaccine compositions using the inventive sequences.

(57) Abrégé : La présente invention concerne la séquence génomique et des séquences nucléotidiques de *Listeria monocytogenes* EGD-e. L'invention a également pour objet les polypeptides de cet organisme, en particulier les polypeptides de surface ou d'enveloppe cellulaire, ou impliqués dans les différents cycles de métabolisme, en particulier la biosynthèse de vitamine B12. L'invention concerne aussi les utilisations des séquences décrites, ainsi que différents outils permettant l'identification de *L. monocytogenes* ou espèces associées. L'invention concerne aussi des souches *L. monocytogenes* modifiées, ainsi que les compositions pharmaceutiques ou vaccinales utilisant les séquences de l'invention.



WO 01/77335 A2



Fermin Caballero 12, E-28034 Madrid (ES). **WEHLAND, Jürgen** [DE/DE]; Dommestrasse 4, 38667 Bad Harzburg (DE). **KÄRST, Uwe** [DE/DE]; Fallsteinweg 3, 38302 Wölfenbüttel (DE). **ENTIAN, Karl-Dieter** [DE/DE]; Oberurseler Strasse 43, 61440 Oberursel (DE). **HAUF, Jörg** [DE/DE]; Bismarck Strasse 66, 64293 Darmstadt (DE). **ROSE, Matthias** [DE/DE]; Theodor-Heuss-Strasse 4, 61267 Neu-Anspach (DE). **VOSS, Hamut** [DE/DE]; c/o Lion Bioscience, Im Neuenheimer Feld 515-517, 69120 Heidelberg (DE).

(74) **Mandataires :** **MARTIN, Jean-Jacques** etc.; Cabinet Regimbeau, 20, rue de Chazelles, F-75847 Paris Cedex 17 (FR).

(81) **États désignés (national) :** AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ,

NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) **États désignés (régional) :** brevet ARIPO (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasién (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

**Publiée :**

- sans rapport de recherche internationale, sera republiée dès réception de ce rapport
- avec la partie réservée au listage des séquences de la description publiée séparément sous forme électronique et disponible sur demande auprès du Bureau international

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.

**GENOME DE *Listeria monocytogenes*, POLYPEPTIDES ET UTILISATIONS**

L'invention a pour objet la séquence génomique et des séquences  
5 nucléotidiques codant pour des polypeptides de *Listeria monocytogenes*, tels que  
des polypeptides d'enveloppe cellulaire, sécrétés ou spécifiques, ou impliqués dans  
le métabolisme, dans le processus de réplication ou dans la virulence, ainsi que des  
vecteurs incluant lesdites séquences et cellules ou animaux transformés par ces  
10 vecteurs. L'invention concerne également des procédés de détection de ces acides  
nucléiques ou polypeptides et des kits de diagnostic d'infection par *Listeria*  
*monocytogenes*. L'invention vise aussi une méthode de sélection de composés  
capables de moduler l'infection bactérienne et un procédé de biosynthèse ou de  
biodégradation de molécules d'intérêt utilisant lesdites séquences nucléotidiques ou  
lesdits polypeptides. L'invention comprend enfin des compositions  
15 pharmaceutiques, notamment vaccinales, pour la prévention et/ou le traitement  
d'infections bactériennes, en particulier par *Listeria monocytogenes*.

*Listeria monocytogenes* est un pathogène intracellulaire facultatif. Il s'agit  
de l'agent étiologique de la listériose, une infection liée à la nourriture posant des  
problèmes de santé publique de plus en plus importants, avec un impact  
20 économique important pour l'industrie alimentaire européenne. La listériose est  
l'infection liée aux aliments la plus létale (mortalité d'environ 30 %). *Listeria*  
*monocytogenes* possède la propriété inhabituelle d'être capable de traverser trois  
barrières : La barrière intestinale, la barrière hémato-encéphalique et la barrière  
placentaire. Les manifestations cliniques de la listériose incluent les méningites,  
25 méningo-encéphalites, avortements et septicémies. Cette infection est opportuniste  
et affecte principalement les femmes enceintes, les bébés, les personnes âgées et les  
personnes immuno-déprimées en particulier les personnes atteintes du SIDA. Cette  
maladie affecte apparemment également les individus sains et est responsable d'un  
nombre important d'épidémies en raison de produits alimentaires contaminés.  
30 *Listeria monocytogenes* est également d'une importance vétérinaire avec un risque  
principal pour les ovins (moutons) et les bovins. *Listeria monocytogenes* est  
particulièrement résistante au stress ou aux conditions extrêmes et il est important

de rechercher sa présence avec soin non seulement pour des problèmes de sécurité alimentaire mais également pour des problèmes de sécurité environnementale.

La carte physique et une carte génétique préliminaire du génome de *Listeria monocytogenes* ont été établies pour la souche LO28. Néanmoins, aucune carte  
5 génétique fine n'est disponible pour l'instant. Le génome de cette bactérie est circulaire et comporte environ 3000 kilobases. Son contenu en GC est d'environ 38 %. Les études des facteurs de virulence ont permis l'identification d'un locus de 15 kb qui peut être considéré comme étant un îlot de pathogénicité dans la mesure où il contient la plupart des gènes dont la fonction dans la virulence a été clairement  
10 identifiée. En plus de ce locus, quelques autres gènes ont été identifiés en particulier les gènes d'invasion et de motilité et des gènes qui codent pour une hydrolase muréine, une superoxyde dismutase, des facteurs sigma, etc...

Une famille importante de protéines de *Listeria monocytogenes* est la famille des protéines de surface. Les processus d'évolution ont permis le  
15 développement d'un nombre de mécanismes uniques sur les bactéries Gram+, par lesquels elles peuvent immobiliser des protéines à leur surface. Les fonctions de ces différentes protéines de parois cellulaires sont extrêmement diverses. Pourtant, beaucoup de protéines liées de façon covalente à la surface des pathogènes Gram+ sont estimées être importantes pour la survie du pathogène à l'intérieur de l'hôte  
20 infecté. Pour *Listeria monocytogenes*, la capacité à pénétrer dans les cellules eukaryotes a été liée à une famille de protéines de surface et/ou sécrétées, les internalines. Jusqu'ici, neuf membres de la famille des internalines ont été identifiés (InlA, InlB, InlC, InlC2, InlD, InlE, InlF, InlG, InlH). On pense qu'elles sont ancrées dans la paroi cellulaire par un clivage protéolytique de la liaison T-G du  
25 motif LPxTG et que la liaison covalente du groupe carboxylique de la thréonine à un groupe amino libre dans le peptidoglycane. Des études récentes ont montré qu'il y avait deux classes d'internalines ; un groupe de protéines associées à la paroi cellulaire de haut point moléculaire (> 50 kDa) et un groupe de plus petites protéines (< 30 kDa) qui sont sécrétées. Ces deux classes possèdent des motifs  
30 similaires LRR très homologues, ainsi que les régions flanquantes LRR, et la séquence peptide-signal N-terminale. Les petites internalines (s-inl) ne possèdent pas la région répétée B et la séquence d'ancrage dans la paroi cellulaire et sont ainsi sécrétées.



L'étude de *Listeria monocytogenes* demande de nouvelles approches, en particulier génétiques, afin d'améliorer la compréhension des différentes voies métaboliques de cet organisme.

Ainsi, c'est un objet de la présente invention que de divulguer la séquence  
5 complète du génome de *Listeria monocytogenes* EGD-e déposée à la CNCM le 11 avril 2000 sous le numéro I-2440 ainsi que de tous les gènes contenus dans ce génome.

En effet, la connaissance du génome de cet organisme permet de mieux définir les interactions entre les différents gènes, les différentes protéines, et par là-  
10 même, les différentes voies métaboliques. En effet, et contrairement à la divulgation de séquences isolées, la séquence génomique complète d'un organisme forme un tout, permettant d'obtenir immédiatement toutes les informations nécessaires à cet organisme pour croître et fonctionner.

La présente invention concerne donc une séquence nucléotidique de *Listeria*  
15 *monocytogenes* caractérisée en ce qu'elle correspond à la séquence SEQ ID N° 1.

La présente invention concerne également une séquence nucléotidique de *Listeria monocytogenes* caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec SEQ ID N° 1 ;
- 20 b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec SEQ ID N° 1 ;
- c) une séquence nucléotidique complémentaire de SEQ ID N° 1 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant ;
- 25 d) une séquence nucléotidique de fragment représentatif de SEQ ID N° 1, ou de fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b) ou c);
- e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- 30 f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e).

De façon plus particulière, la présente invention a également pour objet les séquences nucléotidiques caractérisées en ce qu'elles sont issues de SEQ ID N° 1 et

en ce qu'elles codent pour un polypeptide choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 2854, de préférence codant pour un polypeptide d'enveloppe cellulaire ou présent à la surface de *Listeria monocytogenes* de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41 ou codant pour un polypeptide impliqué dans la biosynthèse de la vitamine B12 de séquence SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64.

La présente invention concerne aussi de façon plus générale les séquences nucléotidiques issues de SEQ ID N° 1, et codant pour un polypeptide de *L. monocytogenes*, telles qu'elles peuvent être isolées à partir de SEQ ID N° 1.

De plus, les séquences nucléotidiques caractérisées en ce qu'elles comprennent une séquence nucléotidique choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide choisi parmi les séquences SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 2854, de préférence choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41 ou SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64 ;
- b) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide choisi parmi les séquences SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 2854, de préférence choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41 ou SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64 ;
- c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide choisi parmi les séquences SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 2854, de préférence choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41 ou SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64 ;
- d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;
- e) une séquence nucléotidique de fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e),

sont également des objets de l'invention.

Par acide nucléique, séquence nucléique ou d'acide nucléique, polynucléotide, oligonucléotide, séquence de polynucléotide, séquence

nucléotidique, termes qui seront employés indifféremment dans la présente description, on entend désigner un enchaînement précis de nucléotides, modifiés ou non, permettant de définir un fragment ou une région d'un acide nucléique, comportant ou non des nucléotides non naturels, et pouvant correspondre aussi bien  
5 à un ADN double brin, un ADN simple brin que des produits de transcription desdits ADNs. Ainsi, les séquences nucléiques selon l'invention englobent également les PNA (Peptid Nucleic Acid), ou analogues.

Il doit être compris que la présente invention ne concerne pas les séquences nucléotidiques dans leur environnement chromosomique naturel, c'est-à-dire à l'état  
10 naturel. Il s'agit de séquences qui ont été isolées et/ou purifiées, c'est-à-dire qu'elles ont été prélevées directement ou indirectement, par exemple par copie, leur environnement ayant été au moins partiellement modifié. On entend ainsi également désigner les acides nucléiques obtenus par synthèse chimique.

Par « pourcentage d'identité » entre deux séquences d'acides nucléiques ou  
15 d'acides aminés au sens de la présente invention, on entend désigner un pourcentage de nucléotides ou de résidus d'acides aminés identiques entre les deux séquences à comparer, obtenu après le meilleur alignement, ce pourcentage étant purement statistique et les différences entre les deux séquences étant réparties au hasard et sur toute leur longueur. On entend désigner par "meilleur alignement" ou  
20 "alignement optimal", l'alignement pour lequel le pourcentage d'identité déterminé comme ci-après est le plus élevé. Les comparaisons de séquences entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés sont traditionnellement réalisées en comparant ces séquences après les avoir alignées de manière optimale, ladite comparaison étant réalisée par segment ou par « fenêtre de comparaison » pour  
25 identifier et comparer les régions locales de similarité de séquence. L'alignement optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé, outre manuellement, au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Smith et Waterman (1981, Ad. App. Math. 2 : 482), au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Neddleman et Wunsch (1970, J. Mol. Biol. 48 : 443), au moyen de la méthode de recherche de  
30 similarité de Pearson et Lipman (1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 : 2444), au moyen de logiciels informatiques utilisant ces algorithmes (GAP, BESTFIT, BLAST P, BLAST N, FASTA et TFASTA dans le Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI). Afin d'obtenir

l'alignement optimal, on utilise de préférence le programme BLAST, avec la matrice BLOSUM 62. On peut également utiliser les matrices PAM ou PAM250.

Le pourcentage d'identité entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés est déterminé en comparant ces deux séquences alignées de manière optimale dans laquelle la séquence d'acides nucléiques ou d'acides aminés à comparer peut comprendre des additions ou des délétions par rapport à la séquence de référence pour un alignement optimal entre ces deux séquences. Le pourcentage d'identité est calculé en déterminant le nombre de positions identiques pour lesquelles le nucléotide ou le résidu d'acide aminé est identique entre les deux séquences, en divisant ce nombre de positions identiques par le nombre total de positions comparées et en multipliant le résultat obtenu par 100 pour obtenir le pourcentage d'identité entre ces deux séquences.

Par séquences nucléiques présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence 85 % ou 90 %, de façon plus préférée 95 % voire 98 %, après alignement optimal avec une séquence de référence, on entend désigner les séquences nucléiques présentant, par rapport à la séquence nucléique de référence, certaines modifications comme en particulier une délétion, une troncation, un allongement, une fusion chimérique et/ou une substitution, notamment ponctuelle, et dont la séquence nucléique présente au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % ou 98 %, d'identité après alignement optimal avec la séquence nucléique de référence. Il s'agit de préférence de séquences dont les séquences complémentaires sont susceptibles de s'hybrider spécifiquement avec les séquences de référence. De préférence, les conditions d'hybridation spécifiques ou de forte stringence seront telles qu'elles assurent au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité après alignement optimal entre l'une des deux séquences et la séquence complémentaire de l'autre.

Une hybridation dans des conditions de forte stringence signifie que les conditions de température et de force ionique sont choisies de telle manière qu'elles permettent le maintien de l'hybridation entre deux fragments d'ADN complémentaires. A titre illustratif, des conditions de forte stringence de l'étape d'hybridation aux fins de définir les fragments polynucléotidiques décrits ci-dessus, sont avantageusement les suivantes.

L'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1) préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM, pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation proprement dite pendant 20 heures à une température dépendant de la taille de la sonde (i.e. : 42°C, pour une sonde de taille > 100 nucléotides) suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C pour une sonde de taille > 100 nucléotides. Les conditions d'hybridation de forte stringence décrites ci-dessus pour un polynucléotide de taille définie, peuvent être adaptées par l'homme du métier pour des oligonucléotides de taille plus grande ou plus petite, selon l'enseignement de Sambrook et al., (1989, Molecular cloning : a laboratory manual. 2<sup>nd</sup> Ed. Cold Spring Harbor).

De plus, par fragment représentatif de séquences selon l'invention, on entend désigner tout fragment nucléotidique présentant au moins 15 nucléotides, de préférence au moins 20, 25, 30, 50, 75, 100, 150, 300 et 450 nucléotides consécutifs de la séquence dont il est issu.

Par fragment représentatif, on entend en particulier une séquence nucléique codant pour un fragment biologiquement actif d'un polypeptide, tel que défini plus loin.

Par fragment représentatif, on entend également les séquences intergéniques, et en particulier les séquences nucléotidiques portant les signaux de régulation (promoteurs, terminateurs, voire enhanceurs...).

Parmi lesdits fragments représentatifs, on préfère ceux ayant des séquences nucléotidiques correspondant à des cadres ouverts de lecture, dénommés séquences ORFs (ORF pour « Open Reading Frame »), compris en général entre un codon d'initiation et un codon stop, ou entre deux codons stop, et codant pour des polypeptides, de préférence d'au moins 100 acides aminés, tel que par exemple, sans s'y limiter, les séquences ORFs qui seront décrites par la suite.

La numérotation des séquences nucléotidiques ORFs qui sera utilisée par la suite dans la présente description correspond à la numérotation des séquences d'acides aminés des protéines codées par lesdites ORFs.

Les fragments représentatifs selon l'invention peuvent être obtenus par  
5 exemple par amplification spécifique telle que la PCR ou après digestion par des enzymes de restriction appropriés de séquences nucléotidiques selon l'invention, cette méthode étant décrite en particulier dans l'ouvrage de Sambrook et al.. Lesdits fragments représentatifs peuvent également être obtenus par synthèse chimique lors que leur taille n'est pas trop importante, selon des méthodes bien connues de  
10 l'homme du métier.

Parmi les séquences contenant des séquences de l'invention, ou des fragments représentatifs, on entend également les séquences qui sont naturellement encadrées par des séquences qui présentent au moins 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec les séquences selon l'invention.

15 Par séquence nucléotidique modifiée, on entend toute séquence nucléotidique obtenue par mutagenèse selon des techniques bien connues de l'homme du métier, et comportant des modifications, de préférence au maximum 10 % de nucléotides modifiés, par rapport aux séquences normales, par exemple des mutations dans les séquences régulatrices et/ou promotrices de l'expression du  
20 polypeptide, notamment conduisant à une modification du taux d'expression ou de l'activité dudit polypeptide.

Par séquence nucléotidique modifiée, on entend également toute séquence nucléotidique codant pour un polypeptide modifié tel que définit ci-après.

Les fragments représentatifs selon l'invention peuvent également être des  
25 sondes ou amorces, qui peuvent être utilisées dans des procédés de détection, d'identification, de dosage ou d'amplification de séquences nucléiques.

Une sonde ou amorce se définit, au sens de l'invention, comme étant un fragment d'acides nucléiques simple brin ou un fragment double brin dénaturé comprenant par exemple de 12 bases à quelques kb, notamment de 15 à quelques  
30 centaines de bases, de préférence de 15 à 50 ou 100 bases, et possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour former un complexe d'hybridation avec un acide nucléique cible.

Les sondes et amorces selon l'invention peuvent être marquées directement ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'homme du métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

5 Les séquences de polynucléotides selon l'invention non marquées peuvent être utilisées directement comme sonde ou amorce.

Les séquences sont généralement marquées pour obtenir des séquences utilisables pour de nombreuses applications. Le marquage des amorces ou des sondes selon l'invention est réalisé par des éléments radioactifs ou par des  
10 molécules non radioactives.

Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le  $^{32}\text{P}$ , le  $^{33}\text{P}$ , le  $^{35}\text{S}$ , le  $^3\text{H}$  ou le  $^{125}\text{I}$ . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels la biotine, l'avidine, la streptavidine, la dioxygénine, les haptènes, les colorants, les agents luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents,  
15 bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

Les polynucléotides selon l'invention peuvent ainsi être utilisés comme amorce et/ou sonde dans des procédés mettant en oeuvre notamment la technique de PCR (amplification en chaîne par polymérase) (Rolfs et al., 1991, Berlin : Springer-Verlag). Cette technique nécessite le choix de paires d'amorces oligonucléotidiques  
20 encadrant le fragment qui doit être amplifié. On peut, par exemple, se référer à la technique décrite dans le brevet américain U.S. N° 4,683,202. Les fragments amplifiés peuvent être identifiés, par exemple après une électrophorèse en gel d'agarose ou de polyacrylamide, ou après une technique chromatographique comme la filtration sur gel ou la chromatographie échangeuse d'ions, puis séquencés. La  
25 spécificité de l'amplification peut être contrôlée en utilisant comme amorce les séquences nucléotidiques de polynucléotides de l'invention comme matrice, des plasmides contenant ces séquences ou encore les produits d'amplification dérivés. Les fragments nucléotidiques amplifiés peuvent être utilisés comme réactifs dans des réactions d'hybridation afin de mettre en évidence la présence, dans un  
30 échantillon biologique, d'un acide nucléique cible de séquence complémentaire à celle desdits fragments nucléotidiques amplifiés.

L'invention vise également les acides nucléiques susceptibles d'être obtenus par amplification à l'aide d'amorces selon l'invention.

D'autres techniques d'amplification de l'acide nucléique cible peuvent être avantageusement employées comme alternative à la PCR (PCR-like) à l'aide de couple d'amorces de séquences nucléotidiques selon l'invention. Par PCR-like on entend désigner toutes les méthodes mettant en œuvre des reproductions directes ou indirectes des séquences d'acides nucléiques, ou bien dans lesquelles les systèmes de marquage ont été amplifiés, ces techniques sont bien entendu connues, en général il s'agit de l'amplification de l'ADN par une polymérase ; lorsque l'échantillon d'origine est un ARN il convient préalablement d'effectuer une transcription reverse. Il existe actuellement de très nombreux procédés permettant cette amplification, comme par exemple la technique SDA (Strand Displacement Amplification) ou technique d'amplification à déplacement de brin (Walker et al., 1992, Nucleic Acids Res. 20 : 1691), la technique TAS (Transcription-based Amplification System) décrite par Kwoh et al. (1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 1173), la technique 3SR (Self-Sustained Sequence Replication) décrite par Guatelli et al. (1990, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87: 1874), la technique NASBA (Nucleic Acid Sequence Based Amplification) décrite par Kievitis et al. (1991, J. Virol. Methods, 35, 273), la technique TMA (Transcription Mediated Amplification), la technique LCR (Ligase Chain Reaction) décrite par Landegren et al. (1988, Science 241, 1077), la technique de RCR (Repair Chain Reaction) décrite par Segev (1992, Kessler C. Springer Verlag, Berlin, New-York, 197-205), la technique CPR (Cycling Probe Reaction) décrite par Duck et al. (1990, Biotechniques, 9, 142), la technique d'amplification à la Q-béta-réplase décrite par Miele et al. (1983, J. Mol. Biol., 171, 281). Certaines de ces techniques ont depuis été perfectionnées.

Dans le cas où le polynucléotide cible à détecter est un ARNm, on utilise avantageusement, préalablement à la mise en œuvre d'une réaction d'amplification à l'aide des amorces selon l'invention ou à la mise en œuvre d'un procédé de détection à l'aide des sondes de l'invention, une enzyme de type transcriptase inverse afin d'obtenir un ADNc à partir de l'ARNm contenu dans l'échantillon biologique. L'ADNc obtenu servira alors de cible pour les amorces ou les sondes mises en œuvre dans le procédé d'amplification ou de détection selon l'invention.

La technique d'hybridation de sondes peut être réalisée de manières diverses (Matthews et al., 1988, Anal. Biochem., 169, 1-25). La méthode la plus générale



consiste à immobiliser l'acide nucléique extrait des cellules de différents tissus ou de cellules en culture sur un support (tels que la nitrocellulose, le nylon, le polystyrène) et à incuber, dans des conditions bien définies, l'acide nucléique cible immobilisé avec la sonde. Après l'hybridation, l'excès de sonde est éliminé et les  
5 molécules hybrides formées sont détectées par la méthode appropriée (mesure de la radioactivité, de la fluorescence ou de l'activité enzymatique liée à la sonde).

Selon un autre mode de mise en œuvre des sondes nucléiques selon l'invention, ces dernières peuvent être utilisées comme sondes de capture. Dans ce cas, une sonde, dite « sonde de capture », est immobilisée sur un support et sert à  
10 capturer par hybridation spécifique l'acide nucléique cible obtenu à partir de l'échantillon biologique à tester et l'acide nucléique cible est ensuite détecté grâce à une seconde sonde, dite « sonde de détection », marquée par un élément facilement détectable.

Parmi les fragments d'acides nucléiques intéressants, il faut ainsi citer en  
15 particulier les oligonucléotides anti-sens, c'est-à-dire dont la structure assure, par hybridation avec la séquence cible, une inhibition de l'expression du produit correspondant. Il faut également citer les oligonucléotides sens qui, par interaction avec des protéines impliquées dans la régulation de l'expression du produit correspondant, induiront soit une inhibition, soit une activation de cette expression.

20 De façon préférée, les sondes ou amorces selon l'invention sont immobilisées sur un support, de manière covalente ou non covalente. En particulier, le support peut être une puce à ADN ou un filtre à haute densité, également objets de la présente invention.

On entend désigner par puce à ADN ou filtre haute densité, un support sur  
25 lequel sont fixées des séquences d'ADN, chacune d'entre elles pouvant être repérée par sa localisation géographique. Ces puces ou filtres diffèrent principalement par leur taille, le matériau du support, et éventuellement le nombre de séquences d'ADN qui y sont fixées.

On peut fixer les sondes ou amorces selon la première invention sur des  
30 supports solides, en particulier les puces à ADN, par différents procédés de fabrication. En particulier, on peut effectuer une synthèse *in situ* par adressage photochimique ou par jet d'encre. D'autres techniques consistent à effectuer une synthèse *ex situ* et à fixer les sondes sur le support de la puce à ADN par adressage

mécanique, électronique ou par jet d'encre. Ces différents procédés sont bien connus de l'homme du métier.

Une séquence nucléotidique (sonde ou amorce) selon l'invention permet donc la détection et/ou l'amplification de séquences nucléiques spécifiques. En particulier, la détection de cesdites séquences est facilitée lorsque la sonde est fixée  
5 sur une puce à ADN, ou à un filtre haute densité.

L'utilisation de puces à ADN ou de filtres à haute densité permet en effet de déterminer l'expression de gènes dans un organisme présentant une séquence génomique proche de *L. monocytogenes* EGD-e.

10 La séquence génomique de *L. monocytogenes* EGD-e, complétée par l'identification de tous les gènes de cet organisme, telle que présentée dans la présente invention, sert de base à la construction de ces puces à ADN ou filtre.

La préparation de ces filtres ou puces consiste à synthétiser des oligonucléotides, correspondant aux extrémités 5' et 3' des gènes. Ces  
15 oligonucléotides sont choisis en utilisant la séquence génomique et ses annotations divulguées par la présente invention. La température d'appariement des ces oligonucléotides aux places correspondantes sur l'ADN doit être approximativement la même pour chaque oligonucleotide. Ceci permet de préparer des fragments d'ADN correspondants à chaque gène par l'utilisation de condition  
20 de PCR appropriées dans un environnement hautement automatisée. Les fragments amplifiés sont ensuite immobilisés sur des filtres ou des supports en verre, silicium ou polymères synthétiques et ces milieux sont utilisés pour l'hybridation.

La disponibilité de tels filtres et/ou puces et de la séquence génomique correspondante annotée permet d'étudier l'expression de grands ensembles, voire de  
25 la totalité des gènes dans les micro-organismes associés à *Listeria monocytogenes*, en préparant les ADN complémentaires, et en les hybridant à l'ADN ou aux oligonucléotides immobilisés sur les filtres ou les puces. Egalement, les filtres et/ou les puces permettent d'étudier la variabilité des souches ou des espèces, en préparant l'ADN de ces organismes et en les hybridant à l'ADN ou aux oligonucléotides  
30 immobilisés sur les filtres ou les puces.

Les différences entre les séquences génomiques des différentes souches ou espèces peuvent grandement affecter l'intensité de l'hybridation et, par conséquent, perturber l'interprétation des résultats. Il peut donc être nécessaire d'avoir la

séquence précise des gènes de la souche que l'on souhaite étudier. La méthode de détection des gènes décrite plus loin en détail, impliquant la détermination de la séquence de fragments aléatoires d'un génome, et les organisant d'après la séquence du génome complet de *Listeria monocytogenes* EGD-e divulgué dans la présente invention, peut être très utile.

Les séquences nucléotidiques selon l'invention peuvent être utilisées dans des puces à ADN pour effectuer l'analyse de mutations. Cette analyse repose sur la constitution de puces capables d'analyser chaque base d'une séquence nucléotidique selon l'invention. On pourra notamment à cette fin mettre en œuvre les techniques de micro-séquençage sur puce à ADN. Les mutations sont détectées par extension d'amorces immobilisées hybridant à la matrice des séquences analysées, juste en position adjacente de celle du nucléotide muté recherché. Une matrice simple-brin, ARN ou ADN, des séquences à analyser sera avantageusement préparée selon des méthodes classiques, à partir de produits amplifiés selon les techniques de type PCR. Les matrices d'ADN simple brin, ou d'ARN ainsi obtenues sont alors déposées sur la puce à ADN, dans des conditions permettant leur hybridation spécifique aux amorces immobilisées. Une polymérase thermostable, par exemple la Tth ou la Taq ADN polymérase, étend spécifiquement l'extrémité 3' de l'amorce immobilisée avec un analogue de nucléotide marqué complémentaire du nucléotide en position du site variable; par exemple un cycle thermique est réalisé en présence des didéoxyribonucléotides fluorescents. Les conditions expérimentales seront adaptées notamment aux puces employées, aux amorces immobilisées, aux polymérases employées, et au système de marquage choisi. Un avantage du micro-séquençage, par rapport aux techniques basées sur l'hybridation de sondes, est qu'il permet d'identifier tous les nucléotides variables avec une discrimination optimale dans des conditions de réactions homogènes; utilisé sur des puces à ADN, il permet une résolution et une spécificité optimales pour la détection routinière et industrielle de mutations en multiplex.

L'utilisation des filtres à haute densité et/ou des puces permet ainsi d'obtenir des connaissances nouvelles sur la régulation des gènes dans les organismes d'importance industrielle, et en particulier les listéria propagées dans diverses conditions. Elle permet aussi une identification rapide des différences entre les génomes des souches utilisées dans de multiples applications industrielles.

En outre, une puce à ADN ou un filtre peut être un outil extrêmement intéressant pour la détermination, la détection et/ou l'identification d'un microorganisme. Ainsi, on préfère également les puces à ADN selon l'invention qui contiennent en outre au moins une séquence nucléotidique d'un microorganisme  
5 autre de *Listeria monocytogenes*, immobilisée sur le support de ladite puce. De préférence, le microorganisme choisi l'est parmi les bactéries du genre *Listeria* (ci-après désignées comme bactéries associées à *L. monocytogenes*), ou les variants de *Listeria monocytogenes* EGD-e.

Une puce à ADN ou un filtre selon l'invention est un élément très utile de  
10 certains kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de microorganismes, en particulier les bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou les microorganismes associés, également objets de l'invention.

Par ailleurs, les puces à ADN ou les filtres selon l'invention, contenant des sondes ou amorces spécifiques de *Listeria monocytogenes*, sont des éléments très  
15 avantageux de kits ou nécessaires pour la détection et/ou la quantification de l'expression de gènes de *Listeria monocytogenes* (ou de microorganismes associés).

En effet, le contrôle de l'expression des gènes est un point critique pour optimiser la croissance et le rendement d'une souche, soit en permettant l'expression d'un ou plusieurs gènes nouveaux, soit en modifiant l'expression de gènes déjà  
20 présents dans la cellule. La présente invention fournit l'ensemble des séquences naturellement actives chez *L. monocytogenes* permettant l'expression des gènes. Elle permet ainsi la détermination de l'ensemble des séquences exprimées chez *L. monocytogenes*. Elle fournit également un outil permettant de repérer les gènes dont l'expression suit un schéma donné. Pour réaliser cela, l'ADN de tout ou partie des  
25 gènes de *L. monocytogenes* peut être amplifié grâce à des amorces selon l'invention, puis fixé à un support comme par exemple le verre ou le nylon ou une puce à ADN, afin de construire un outil permettant de suivre le profil d'expression de ces gènes. Cet outil, constitué de ce support contenant les séquences codantes sert de matrice d'hybridation à un mélange de molécules marquées reflétant les ARN messagers  
30 exprimés dans la cellule (en particulier les sondes marquées selon l'invention). En répétant cette expérience à différents instants et en combinant l'ensemble de ces données par un traitement approprié, on obtient alors les profils d'expression de l'ensemble de ces gènes. La connaissance des séquences qui suivent un schéma de

régulation donnée peut aussi être mise à profit pour rechercher de manière dirigée, par exemple par homologie, d'autres séquences suivant globalement, mais de manière légèrement différente le même schéma de régulation. En complément, il est possible d'isoler chaque séquence de contrôle présente en amont des segments  
5 servant de sondes et d'en suivre l'activité à l'aide de moyen approprié comme un gène rapporteur (luciférase,  $\beta$ -galactosidase, GFP pour « Green Fluorescent Protein »). Ces séquences isolées peuvent ensuite être modifiées et assemblées par ingénierie métabolique avec des séquences d'intérêt en vue de leur expression optimale.

10 Grâce à la séquence génomique présentée dans la présente invention, l'homme du métier saura identifier les gènes codant pour des protéines régulant la transcription des gènes de *L. monocytogenes*. Par ailleurs, le tableau I fournit la liste des phases ouvertes de lecture (ORF pour « Open Reading Frame) identifiées sur le génome de *Listeria monocytogenes* (SEQ ID N° 1), avec leur position sur ledit  
15 génome, et les fonctions putatives qui peuvent leur être attribuées. Toutefois, une telle liste ne doit pas être considérée comme limitative, une protéine pouvant faire avoir plusieurs rôles dans la cellule.

Modifier la structure ou l'intégrité de ces gènes pourra permettre de modifier l'expression des gènes cibles contrôlés par des promoteurs cibles de ces régulateurs.  
20 Ainsi, l'homme du métier pourra choisir le ou les régulateurs pertinents pour l'application recherchée ainsi que leur cible, ce qui permet l'optimisation de l'expression de gènes d'intérêt. L'utilisation des outils précédemment décrits tels les puces à ADN, permet aussi de repérer l'ensemble des gènes dont la régulation est modifiée par l'inactivation de certains gènes. Il est ainsi possible de sélectionner un  
25 ensemble de séquence de contrôle répondant, à des nuances près, à un même type de régulation. Ces séquences peuvent être alors utilisées pour contrôler l'expression de gènes d'intérêt.

L'invention concerne également les polypeptides codés par une séquence nucléotidique selon l'invention, de préférence, par un fragment représentatif de la  
30 séquence SEQ ID N° 1 et correspondant à une séquence ORF, telle que décrite dans le tableau I. En particulier, les polypeptides de *Listeria monocytogenes* caractérisés en ce qu'ils sont choisis parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID

N° 2854, de préférence de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41 et SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64 sont objet de l'invention.

L'invention comprend également les polypeptides caractérisés en ce qu'ils comprennent un polypeptide choisi parmi :

- 5 a) un polypeptide selon l'invention ;
- b) un polypeptide présentant au moins 80 % de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'identité avec un polypeptide selon l'invention ;
- c) un fragment d'au moins 5 acides aminés d'un polypeptide selon l'invention, ou tel que défini en b) ;
- 10 d) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'invention, ou tel que défini en b) ou c) ; et
- e) un polypeptide modifié d'un polypeptide selon l'invention, ou tel que défini en b), c) ou d).

15 Les séquences nucléotidiques codant pour les polypeptides décrits précédemment sont également objet de l'invention.

Dans la présente description, les termes polypeptides, séquences polypeptidiques, peptides et protéines sont interchangeables.

Il doit être compris que l'invention ne concerne pas les polypeptides sous forme naturelle, c'est-à-dire qu'ils ne sont pas pris dans leur environnement naturel  
20 mais qu'ils ont pu être isolés ou obtenus par purification à partir de sources naturelles, ou bien obtenus par recombinaison génétique, ou par synthèse chimique, et qu'ils peuvent alors comporter des acides aminés non naturels comme cela sera décrit plus loin.

Par polypeptide présentant un certain pourcentage d'identité avec un autre,  
25 que l'on désignera également par polypeptide homologue, on entend désigner les polypeptides présentant par rapport aux polypeptides naturels, certaines modifications, en particulier une délétion, addition ou substitution d'au moins un acide aminé, une troncation, un allongement, une solution chimérique et/ou une mutation, ou les polypeptides présentant des modifications post-traductionnelles.  
30 Parmi les polypeptides homologues, on préfère ceux dont la séquence d'acides aminés présentent au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'homologie avec les séquences d'acides aminés des polypeptides selon l'invention. Dans le cas d'une substitution, un ou plusieurs acide(s) aminé(s) consécutif(s) ou

non consécutif(s) sont remplacés par des acides aminés « équivalents ». L'expression « acides aminés équivalents » vise ici à désigner tout acide aminé susceptible d'être substitué à l'un des acides aminés de la structure de base sans cependant modifier essentiellement les activités biologiques des peptides correspondant et telles qu'elles seront définies par la suite.

Ces acides aminés équivalents peuvent être déterminés soit en s'appuyant sur leur homologie de structure avec les acides aminés auxquels ils se substituent, soit sur des résultats d'essais comparatifs d'activité biologique entre les différents polypeptides susceptibles d'être effectués.

A titre d'exemple, on mentionne les possibilités de substitution susceptibles d'être effectuées sans qu'il résulte en une modification approfondie de l'activité biologique du polypeptide modifié correspondant. On peut remplacer ainsi la leucine par la valine ou l'isoleucine, l'acide aspartique par l'acide glutamine, la glutamine par l'asparagine, l'arginine par la lysine, etc... les substitutions inverses étant naturellement envisageables dans les mêmes conditions,

Les polypeptides homologues correspondent également aux polypeptides codés par les séquences nucléotidiques homologues ou identiques, telles que définies précédemment et comprennent ainsi dans la présente définition des polypeptides mutés ou correspondant à des variations inter ou intra espèces, pouvant exister chez *Listeria*, et qui correspondent notamment à des troncatures, substitutions, délétions et/ou additions, d'au moins un résidu d'acides aminés.

Il est entendu que l'on calcule le pourcentage d'identité entre deux polypeptides de la même façon qu'entre deux séquences d'acides nucléiques. Ainsi, le pourcentage d'identité entre deux polypeptides est calculé après alignement optimal de ces deux séquences, sur une fenêtre d'homologie maximale. Pour définir ladite fenêtre d'homologie maximale, on peut utiliser les mêmes algorithmes que pour les séquences d'acide nucléique.

Par fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner en particulier un fragment de polypeptide, tel que défini ci-après, présentant au moins une des caractéristiques biologiques des polypeptides selon l'invention, notamment en ce qu'il est capable d'exercer de manière générale une activité même partielle, tel que par exemple :

- une activité enzymatique (métabolique) ou une activité pouvant être impliquée dans la biosynthèse ou la biodégradation de composés organiques ou inorganiques ;
- 5       - une activité structurale (enveloppe cellulaire, molécule chaperonne, ribosome) ;
- une activité de transport (d'énergie, d'ion) ; ou dans la sécrétion de protéine ;
- 10       - une activité dans le processus de réplication, amplification, préparation, transcription, traduction ou maturation, notamment de l'ADN, de l'ARN ou des protéines.

Par fragment de polypeptides selon l'invention, on entend désigner un polypeptide comportant au minimum 5 acides aminés, de préférence 10, 15, 25, 50, 100 et 150 acides aminés.

15       Les fragments de polypeptides peuvent correspondre à des fragments isolés ou purifiés naturellement présents dans les souches de *Listeria*, ou à des fragments qui peuvent être obtenus par clivage dudit polypeptide par une enzyme protéolytique telle que la trypsine ou la chymotrypsine ou la collagénase, par un réactif chimique (bromure de cyanogène, CNBr) ou en plaçant ledit polypeptide dans un environnement très acide (par exemple à pH = 2,5). Des fragments polypeptidiques  
20       peuvent également être préparés par synthèse chimique, à partir d'hôtes transformés par un vecteur d'expression selon l'invention qui contiennent un acide nucléique permettant l'expression dudit fragment, et placé sous le contrôle des éléments de régulation et/ou d'expression appropriés.

25       Par « polypeptide modifié » d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner un polypeptide obtenu par recombinaison génétique ou par synthèse chimique comme décrit plus loin, qui présente au moins une modification par rapport à la séquence normale, de préférence au plus 10 % d'acides aminés modifiés par rapport à la séquence normale. Ces modifications peuvent être notamment portées sur des acides aminés nécessaires pour la spécificité ou l'efficacité de  
30       l'activité, ou à l'origine de la conformation structurale, de la charge, ou de l'hydrophobicité du polypeptide selon l'invention. On peut ainsi créer des polypeptides d'activité équivalente, augmentée ou diminuée, ou de spécificité équivalente, plus étroite ou plus large. Parmi les polypeptides modifiés, il faut citer



les polypeptides dans lesquels jusqu'à cinq acides aminés peuvent être modifiés, tronqués à l'extrémité N ou C-terminale, ou bien délétés, ou ajoutés.

Comme cela est indiqué, les modifications d'un polypeptide ont pour objectif notamment :

- 5           - de permettre sa mise en œuvre dans des procédés de biosynthèse ou de biodégradation de composés organiques ou inorganiques,
- de permettre sa mise en œuvre dans des procédés de répllication, d'amplification, de réparation et règle de transcription, de traduction, ou de maturation notamment de l'ADN, l'ARN, ou de protéines,
- 10          - de permettre sa sécrétion améliorée,
- de modifier sa solubilité, l'efficacité ou la spécificité de son activité, ou encore de faciliter sa purification.

La synthèse chimique présente également l'avantage de pouvoir utiliser des acides aminés non naturels ou des liaisons non peptidiques. Ainsi, il peut être  
15 intéressant d'utiliser des acides aminés non naturels, par exemple sous forme D, ou des analogues d'acides aminés, notamment des formes souffrées.

La présente invention fournit la séquence nucléotidique du génome de *Listeria monocytogenes* EGD-e, ainsi que certaines séquences polypeptidiques. L'homme du métier pourra déterminer les autres ORFs, en utilisant des méthodes  
20 connues, et des logiciels appropriés.

Parmi les gènes identifiés dans la séquence génomique de *L. monocytogenes*, on peut citer en particulier les gènes impliqués dans la biosynthèse de la vitamine B12 (SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64). Cette bactérie est ainsi capable de synthétiser naturellement cette vitamine, et la connaissance des gènes  
25 menant à leur synthèse permet à l'homme du métier d'optimiser l'expression de ces gènes ou de les modifier en vue d'augmenter la production de cette vitamine. Ainsi, la présente invention a également pour objet un procédé de production de la vitamine B12, caractérisé en ce que l'on fournit le substrat de départ à une cellule hôte contenant les gènes correspondant à SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64, que l'on  
30 la cultive dans les conditions appropriées pour la production de vitamine B12, et que l'on récupère ladite vitamine. De préférence, la cellule hôte est une cellule bactérienne, de façon plus préférée, une bactérie du genre *Bacillus* ou *Listeria*. Un procédé de production de la vitamine B12 utilisant une séquence nucléique, ou

polypeptidique selon l'invention, ou une cellule hôte selon l'invention ou un animal ou un végétal selon l'invention est également un objet de la présente invention.

De manière générale, la liste des séquences SEQ ID, ou leur séquence  
nucléique codante correspondante pourra être déterminée par l'homme de l'art à  
partir des fonctions putatives les plus probables déterminées pour chacune des  
séquences SEQ ID dans le tableau 1 ci-après pour chacune des classes d'activité  
répertorié ci-après.

Ainsi et de manière préférée, l'invention est relative à une séquence  
nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide  
de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse de  
la vitamine B12. De préférence, il s'agit d'un polypeptide de séquence SEQ ID N°  
42 à SEQ ID N° 64.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique  
selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide d'enveloppe  
cellulaire ou présent à la surface de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments.  
De préférence, il s'agit d'un polypeptide de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N°  
41.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique  
selon l'invention, caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria*  
*monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des acides  
aminés.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique  
selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria*  
*monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des cofacteurs,  
groupes prosthétiques et transporteurs.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique  
selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria*  
*monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la machinerie cellulaire.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique  
selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria*  
*monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme intermédiaire  
central.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme énergétique.

5 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides.

10 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions de régulation.

15 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de réplication.

20 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transcription.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de traduction.

25 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines.

30 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria*

*monocytogenes* ou un de ses fragments dans la sensibilité aux médicaments et analogues.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions relatives aux transposons.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisées en ce qu'elle code pour un polypeptide spécifique de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments.

10        Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse de la vitamine B12. De préférence, il s'agit d'un polypeptide de séquence SEQ ID N° 42 à SEQ ID N° 64.

15        Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide d'enveloppe cellulaire ou de surface de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments. De préférence, il s'agit d'un polypeptide de séquence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41.

20        Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des acides aminés.

25        Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des cofacteurs, groupes prosthétiques et transporteurs.

30        Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans la machinerie cellulaire.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de

*Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme intermédiaire central.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
5 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme énergétique.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
10 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
15 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
20 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions de régulation.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
25 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de réplication.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
30 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transcription.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
35 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de traduction.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de

*Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
5 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
10 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments dans la sensibilité aux médicaments et analogues.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de  
15 *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions relatives aux transposons.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide spécifique de *Listeria monocytogenes* ou un de ses fragments.

Il est important de noter toutefois qu'un organisme vivant est un tout et doit être pris comme tel. Ainsi, afin de pouvoir se développer et d'exhiber ses propriétés,  
20 tout organisme a besoin d'interactions entre les différentes voies métaboliques. Ainsi, la classification énoncée ci-dessus ne doit pas être considérée comme limitative, un gène pouvant être impliqué dans deux voies métaboliques distinctes.

La présente invention a également pour objet les séquences nucléotidiques et/ou de polypeptides selon l'invention, caractérisées en ce que lesdites séquences  
25 sont enregistrées sur un support d'enregistrement dont la forme et la nature facilitent la lecture, l'analyse et/ou l'exploitation de ladite ou desdites séquence(s). Ces supports peuvent également contenir d'autres informations extraites de la présente invention, notamment les analogies avec des séquences déjà connues, et/ou des informations concernant les séquences nucléotidiques et/ou de polypeptides  
30 d'autres microorganismes afin de faciliter l'analyse comparative et l'exploitation des résultats obtenus.

Parmi cesdits supports d'enregistrement, on préfère en particulier les supports lisibles par un ordinateur, tels les supports magnétiques, optiques,

électriques ou hybrides, en particulier les disquettes informatiques, les CD-ROM, les serveurs informatiques. De tels supports d'enregistrement sont également objet de l'invention.

Les supports d'enregistrement selon l'invention, avec les informations  
5 apportées, sont très utiles pour le choix d'amorces ou de sondes nucléotidiques pour la détermination de gènes dans *Listeria monocytogenes* ou souches proches de cet organisme. De même, l'utilisation de ces supports pour l'étude du polymorphisme génétique de souche proche de *Listeria monocytogenes*, en particulier par la détermination des régions de colinéarité, est très utile dans la mesure où ces  
10 supports fournissent non seulement la séquence nucléotidique du génome de *Listeria monocytogenes* egb, mais également l'organisation génomique dans ladite séquence. Ainsi, les utilisations de supports d'enregistrement selon l'invention sont également des objets de l'invention.

L'analyse d'homologie entre différentes séquences s'effectue en effet  
15 avantageusement à l'aide de logiciels de comparaisons de séquences, tels le logiciel Blast, ou les logiciels de la trousse GCG, décrits précédemment.

L'invention vise également les vecteurs de clonage et/ou d'expression, qui contiennent une séquence nucléotidique selon l'invention. On préfère en particulier, les séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides d'enveloppe cellulaire  
20 ou de surface, ou impliqués dans la machinerie cellulaire, en particulier la sécrétion, le métabolisme intermédiaire central, en particulier la production de sucre, le métabolisme énergétique, les processus de synthèse de la vitamine B12, de transcription et de traduction, de synthèse de polypeptides.

Les vecteurs selon l'invention comportent de préférence des éléments qui  
25 permettent l'expression et/ou la sécrétion des séquences nucléotidiques dans une cellule hôte déterminée.

Le vecteur doit alors comporter un promoteur, des signaux d'initiation et de terminaison de la traduction, ainsi que des régions appropriées de régulation de la transcription. Il doit pouvoir être maintenu de façon stable dans la cellule hôte et  
30 peut éventuellement posséder des signaux particuliers qui spécifient la sécrétion de la protéine traduite. Ces différents éléments sont choisis et optimisés par l'homme du métier en fonction de l'hôte cellulaire utilisé. A cet effet, les séquences nucléotidiques selon l'invention peuvent être insérées dans des vecteurs à

réplication autonome au sein de l'hôte choisi, ou être des vecteurs intégratifs de l'hôte choisi.

De tels vecteurs sont préparés par des méthodes couramment utilisées par l'homme du métier, et les clones résultant peuvent être introduits dans un hôte approprié par des méthodes standards, telle que la lipofection, l'électroporation, le  
5 choc thermique, ou des méthodes chimiques.

Les vecteurs selon l'invention sont par exemple des vecteurs d'origine plasmidique ou virale. Ils sont utiles pour transformer des cellules hôtes afin de cloner ou d'exprimer les séquences nucléotidiques selon l'invention.

10 L'invention comprend également les cellules hôtes transformées par un vecteur selon l'invention.

L'hôte cellulaire peut être choisi parmi des systèmes procaryotes ou eucaryotes, par exemple les cellules bactériennes mais également les cellules de levure ou les cellules animales, en particulier les cellules de mammifères. On peut  
15 également utiliser des cellules d'insectes ou des cellules de plantes. Les cellules hôtes préférées selon l'invention sont en particulier les cellules procaryotes, de préférence les bactéries appartenant au genre *Listeria*, à l'espèce *Listeria monocytogenes*, ou les microorganismes associés à l'espèce *Listeria monocytogenes*. L'invention concerne également les animaux, excepté l'homme,  
20 qui comprennent une cellule transformée selon l'invention. Les cellules transformées selon l'invention sont utilisables dans des procédés de préparation de polypeptides recombinants selon l'invention. Les procédés de préparation d'un polypeptide selon l'invention sous forme recombinante, caractérisés en ce qu'ils mettent en œuvre un vecteur et/ou une cellule transformée par un vecteur selon  
25 l'invention sont eux-mêmes compris dans la présente invention. De préférence, on cultive une cellule transformée par un vecteur selon l'invention dans des conditions qui permettent l'expression dudit polypeptide et on récupère ledit peptide recombinant. Les cellules hôtes selon l'invention peuvent également être utilisées pour la préparation de compositions alimentaires, qui sont elles-mêmes objet de la  
30 présente invention.

Ainsi qu'il a été dit, l'hôte cellulaire peut être choisi parmi des systèmes procaryotes ou eucaryotes. En particulier, il est possible d'identifier des séquences nucléotidiques selon l'invention, facilitant la sécrétion dans un tel système



procaryote ou eucaryote. Un vecteur selon l'invention portant une telle séquence peut donc être avantageusement utilisé pour la production de protéines recombinantes, destinées à être sécrétées. En effet, la purification de ces protéines recombinantes d'intérêt sera facilitée par le fait qu'elles sont présentes dans le  
5 surnageant de la culture cellulaire plutôt qu'à l'intérieur des cellules hôtes.

On peut également préparer les polypeptides selon l'invention par synthèse chimique. Un tel procédé de préparation est également un objet de l'invention. L'homme du métier connaît les procédés de synthèse chimique, par exemple les techniques mettant en œuvre des phases solides (voir notamment Steward et al.,  
10 1984, Solid phase peptides synthesis, Pierce Chem. Company, Rockford, 111, 2ème éd., (1984)) ou des techniques utilisant des phases solides partielles, par condensation de fragments ou par une synthèse en solution classique. Les polypeptides obtenus par synthèse chimique et pouvant comporter des acides aminés non naturels correspondant sont également compris dans l'invention.

15 L'invention est en outre relative à des polypeptides hybrides présentant au moins un polypeptide ou un de ses fragments selon l'invention, et une séquence d'un polypeptide susceptible d'induire une réponse immunitaire chez l'homme ou l'animal.

Avantageusement, le déterminant antigénique est tel qu'il est susceptible  
20 d'induire une réponse humorale et/ou cellulaire.

Un tel déterminant pourra comprendre un polypeptide ou un de ses fragments selon l'invention sous forme glycosylée utilisé en vue d'obtenir des compositions immunogènes susceptibles d'induire la synthèse d'anticorps dirigés contre des épitopes multiples. Lesdits polypeptides ou leurs fragments glycosylés  
25 font également partie de l'invention.

Ces molécules hybrides peuvent être constituées en partie d'une molécule porteuse de polypeptides ou de leurs fragments selon l'invention, associée à une partie éventuellement immunogène, en particulier un épitope de la toxine diphtérique, la toxine tétanique, un antigène de surface du virus de l'hépatite B  
30 (brevet FR 79 21811), l'antigène VP1 du virus de la poliomyélite ou toute autre toxine ou antigène viral ou bactérien.

Les procédés de synthèse des molécules hybrides englobent les méthodes utilisées en génie génétique pour construire des séquences nucléotidiques hybrides

codant pour les séquences polypeptidiques recherchées. On pourra, par exemple, se référer avantageusement à la technique d'obtention de gènes codant pour des protéines de fusion décrite par Minton en 1984.

Lesdites séquences nucléotidiques hybrides codant pour un polypeptide  
5 hybride ainsi que les polypeptides hybrides selon l'invention caractérisés en ce qu'il s'agit de polypeptides recombinants obtenus par l'expression desdites séquences nucléotidiques hybrides, font également partie de l'invention.

L'invention comprend également les vecteurs caractérisés en ce qu'ils contiennent une desdites séquences nucléotidiques hybrides. Les cellules hôtes  
10 transformées par lesdits vecteurs, les animaux transgéniques comprenant une desdites cellules transformées ainsi que les procédés de préparation de polypeptides recombinants utilisant lesdits vecteurs, lesdites cellules transformées et/ou lesdits animaux transgéniques font bien entendu également partie de l'invention.

Le couplage entre un polypeptide selon l'invention et un polypeptide  
15 immunogène, peut être effectué par voie chimique, ou par voie biologique. Ainsi, selon l'invention, il est possible d'introduire un ou plusieurs élément(s) de liaison, notamment des acides aminés pour faciliter les réactions de couplage entre le polypeptide selon l'invention, et le polypeptide immunostimulateur, le couplage covalent de l'antigène immunostimulateur pouvant être réalisé à l'extrémité N ou  
20 C-terminale du polypeptide selon l'invention. Les réactifs bifonctionnels permettant ce couplage sont déterminés en fonction de l'extrémité choisie pour réaliser ce couplage, et les techniques de couplage sont bien connues de l'homme du métier.

Les conjugués issus d'un couplage de peptides peuvent être également préparés par recombinaison génétique. Le peptide hybride (conjugué) peut en effet  
25 être produit par des techniques d'ADN recombinant, par insertion ou addition à la séquence d'ADN codant pour le polypeptide selon l'invention, d'une séquence codant pour le ou les peptide(s) antigène(s), immunogène(s) ou haptène(s). Ces techniques de préparation de peptides hybrides par recombinaison génétique sont bien connues de l'homme du métier (voir par exemple Makrides, 1996,  
30 *Microbiological Reviews* 60,512-538).

De préférence, ledit polypeptide immunitaire est choisi dans le groupe des peptides contenant les anatoxines, notamment le toxoïde diphtérique ou le toxoïde tétanique, les protéines dérivées du Streptocoque (comme la protéine de liaison à la

séralbumine humaine), les protéines membranaires OMPA et les complexes de protéines de membranes externes, les vésicules de membranes externes ou les protéines de chocs thermiques.

Les polypeptides hybrides selon l'invention sont très utiles pour obtenir des anticorps monoclonaux ou polyclonaux, capables de reconnaître spécifiquement les polypeptides selon l'invention. En effet, un polypeptide hybride selon l'invention permet la potenti-  
5 tion de la réponse immunitaire, contre le polypeptide selon l'invention couplé à la molécule immunogène. De tels anticorps monoclonaux ou polyclonaux, leurs fragments, ou les anticorps chimériques, reconnaissant les polypeptides selon l'invention, sont également objets de l'invention.

Les anticorps monoclonaux spécifiques peuvent être obtenus selon la méthode classique de culture d'hybridome décrite par Köhler et Milstein (1975, Nature 256, 495).

Les anticorps selon l'invention sont par exemple des anticorps chimériques, des anticorps humanisés, des fragments Fab, ou F(ab')<sup>2</sup>. Il peut également se  
15 présenter sous forme d'immunoconjugué ou d'anticorps marqué afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

Ainsi, les anticorps selon l'invention peuvent être employés dans un procédé pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un microorganisme associé dans un échantillon biologique,  
20 caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

a) mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon l'invention ;

b) mise en évidence du complexe antigène-anticorps éventuellement formé.

Les anticorps selon la présente invention sont également utilisables afin de  
25 détecter une expression d'un gène de *Listeria monocytogenes* ou de microorganismes associés. En effet, la présence du produit d'expression d'un gène reconnu par un anticorps spécifique dudit produit expression peut être détectée par la présence d'un complexe antigène-anticorps formé après la mise en contact de la  
30 souche de *Listeria monocytogenes* ou du microorganisme associé avec un anticorps selon l'invention. La souche bactérienne utilisée peut avoir été « préparée », c'est-à-dire centrifugée, lysée, placée dans un réactif approprié pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique. En particulier, on préfère un procédé

de détection de l'expression dans le gène, correspondant à un Western blot, pouvant être effectué après une électrophorèse sur gel de polyacrylamide d'un lysat de la souche bactérienne, en présence ou en l'absence de conditions réductrices (SDS-PAGE). Après migration et séparation des protéines sur le gel de polyacrylamide, on transfère lesdites protéines sur une membrane appropriée (par exemple en nylon) et on détecte la présence de la protéine ou du polypeptide d'intérêt, par mise en contact de ladite membrane avec un anticorps selon l'invention.

Ainsi, la présente invention comprend également les kits ou nécessaires pour la mise en œuvre d'un procédé tel que décrit (de détection de l'expression d'un gène de *Listeria monocytogenes* ou d'un microorganisme associé, ou pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou un microorganisme associé), comprenant les éléments suivants :

- a) un anticorps polyclonal ou monoclonal selon l'invention ;
- b) éventuellement, les réactifs pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique ;
- c) éventuellement, les réactifs permettant la mise en évidence des complexes antigène-anticorps produits par la réaction immunologique.

Les polypeptides et les anticorps selon l'invention peuvent avantageusement être immobilisés sur un support, notamment une puce à protéines. Une telle puce à protéines est un objet de l'invention, et peut également contenir au moins un polypeptide d'un microorganisme autre que *Listeria monocytogenes* ou un anticorps dirigé contre un composé d'un microorganisme autre que *Listeria monocytogenes*.

Les puces à protéines ou filtres à haute densité contenant des protéines selon l'invention peuvent être construits de la même manière que les puces à ADN selon l'invention. En pratique, on peut effectuer la synthèse des polypeptides fixés directement sur la puce à protéines, ou effectuer une synthèse *ex situ* suivie d'une étape de fixation du polypeptide synthétisé sur ladite puce. Cette dernière méthode est préférable, lorsque l'on désire fixer des protéines de taille importante sur le support, qui sont avantageusement préparées par génie génétique. Toutefois, si l'on ne désire fixer que des peptides sur le support de ladite puce, il peut être plus intéressant de procéder à la synthèse desdits peptides directement *in situ*.

Les puces à protéines selon l'invention peuvent être avantageusement utilisées dans des kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de

bactéries associées à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un microorganisme, ou de façon plus générale dans des kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de microorganismes. Lorsque l'on fixe les polypeptides selon l'invention sur les puces à ADN, on recherche la présence d'anticorps dans les  
5 échantillons testés, la fixation d'un anticorps selon l'invention sur le support de la puce à protéines permettant l'identification de la protéine dont ledit anticorps est spécifique.

De préférence, on fixe un anticorps selon l'invention sur le support de la puce à protéines, et on détecte la présence de l'antigène correspondant, spécifique  
10 de *Listeria monocytogenes* ou d'un microorganisme associé.

Une puce à protéines ci-dessus décrite peut être utilisée pour la détection de produits de gènes, pour établir un profil d'expression desdits gènes, en complément d'une puce à ADN selon l'invention.

Les puces à protéines selon l'invention sont également extrêmement utiles  
15 pour les expériences de protéomique, qui étudie les interactions entre les différentes protéines d'un microorganisme donné. De façon simplifiée, on fixe des peptides représentatifs des différentes protéines d'un organisme sur un support. Puis, on met ledit support en contact avec des protéines marquées, et après une étape optionnelle de rinçage, on détecte des interactions entre lesdites protéines marquées et les  
20 peptides fixés sur la puce à protéines.

Ainsi, les puces à protéines comprenant une séquence polypeptidique selon l'invention ou un anticorps selon l'invention sont objet de l'invention, ainsi que les kits ou nécessaires les contenant.

La présente invention couvre également un procédé de détection et/ou  
25 d'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un microorganisme associé dans un échantillon biologique, qui met en œuvre une séquence nucléotidique selon l'invention.

Il doit être entendu que le terme échantillon biologique concerne dans la présente invention les échantillons prélevés à partir d'un organisme vivant (en  
30 particulier sang, tissus, organes ou autres prélevés à partir d'un mammifère) ou un échantillon contenant du matériel biologique, c'est-à-dire de l'ADN. Un tel échantillon biologique englobe donc les compositions alimentaires contenant des

bactéries (par exemple les fromages, les produits laitiers), mais également des compositions alimentaires contenant des levures (bières, pains) ou autres.

Le procédé de détection et/ou d'identification mettant en œuvre les séquences nucléotidiques selon l'invention peut être de diverse nature.

5

On préfère un procédé comportant les étapes suivantes :

- a) éventuellement, isolement de l'ADN à partir de l'échantillon biologique à analyser, ou obtention d'un ADNc à partir de l'ARN de l'échantillon biologique ;
- 10 b) amplification spécifique de l'ADN de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé à l'aide d'au moins une amorce selon l'invention ;
- c) mise en évidence des produits d'amplification.

Ce procédé est basé sur l'amplification spécifique de l'ADN, en particulier  
15 par une réaction d'amplification en chaîne.

On préfère également un procédé comprenant les étapes suivantes :

- a) mise en contact d'une sonde nucléotidique selon l'invention avec un échantillon biologique, l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique ayant, le cas échéant, préalablement été rendu accessible à  
20 l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé ;
- b) mise en évidence de l'hybride éventuellement formé entre la sonde nucléotidique et l'ADN de l'échantillon biologique.

25 Un tel procédé ne doit pas être limité à la détection de la présence de l'ADN contenu dans l'échantillon biologique attesté, il peut être également mis en œuvre pour détecter l'ARN contenu dans ledit échantillon. Ce procédé englobe en particulier les Southern et Northern blot.

Un autre procédé préféré selon l'invention comprend les étapes suivantes :

- 30 a) mise en contact d'une sonde nucléotidique immobilisée sur un support selon l'invention avec un échantillon biologique, l'acide nucléique de l'échantillon, ayant, le cas échéant, été préalablement rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à

l'acide nucléique d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé ;

- 5           b) mise en contact de l'hybride formé entre la sonde nucléotidique immobilisée sur un support et l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique, le cas échéant après élimination de l'ADN de l'échantillon biologique n'ayant pas hybridé avec la sonde, avec une sonde nucléotidique marquée selon l'invention ;
- c) mise en évidence du nouvel hybride formé à l'étape b).

10           Ce procédé est avantageusement utilisé avec une puce à ADN selon l'invention, l'acide nucléique recherché s'hybridant avec une sonde présente à la surface de ladite puce, et étant détecté par l'utilisation d'une sonde marquée. Ce procédé est avantageusement mis en œuvre en combinant une étape préalable d'amplification de l'ADN ou de l'ADN complémentaire obtenu éventuellement par transcription inverse, à l'aide d'amorces selon l'invention.

15           Ainsi, la présente invention englobe également les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- 20           a) une sonde nucléotidique selon l'invention ;
- b) éventuellement, les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation ;
- c) éventuellement, au moins une amorce selon l'invention ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

25           De même, la présente invention englobe également les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- 30           a) une sonde nucléotidique, dite sonde de capture, selon l'invention ;
- b) une sonde oligonucléotidique, dite sonde de révélation, selon l'invention ;
- c) éventuellement, au moins une amorce selon l'invention ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

Enfin, les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) au moins une amorce selon l'invention ;
  - 5      b) éventuellement, les réactifs nécessaires pour effectuer une réaction d'amplification d'ADN ;
  - c) éventuellement, un composant permettant de vérifier la séquence du fragment amplifié, plus particulièrement une sonde oligonucléotidique selon l'invention.
- 10      sont également objets de la présente invention.

De préférence, lesdites amorces et/ou sondes et/ou polypeptides et/ou anticorps selon la présente invention utilisés dans les procédés et/ou kits ou nécessaires selon la présente invention sont choisis parmi les amorces et/ou sondes et/ou polypeptides et/ou anticorps spécifiques de l'espèce *Listeria monocytogenes*.

15      De manière préférée, ces éléments sont choisis parmi les séquences nucléotidiques codant pour une protéine sécrétée, parmi les polypeptides sécrétés, ou parmi les anticorps dirigés contre des polypeptides sécrétés de *Listeria monocytogenes*.

La présente invention a également pour objet les souches de *Listeria monocytogenes* et/ou de microorganismes associés contenant une ou plusieurs

20      mutation(s) dans une séquence nucléotidique selon l'invention, en particulier une séquence ORF, ou leurs éléments régulateurs (en particulier promoteurs).

On préfère, selon la présente invention, les souches de *Listeria monocytogenes* présentant une ou plusieurs mutation(s) dans les séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides impliqués dans la machine cellulaire,

25      en particulier la sécrétion, le métabolisme intermédiaire central, le métabolisme énergétique, les processus de synthèse des acides aminés, de transcription et de traduction, de synthèse des polypeptides.

Lesdites mutations peuvent mener à une inactivation du gène, ou en particulier lorsqu'elles sont situées dans les éléments régulateurs dudit gène, à une

30      surexpression de celui-ci.

L'invention concerne en outre l'utilisation d'une séquence nucléotidique selon l'invention, d'un polypeptide selon l'invention, d'un anticorps selon l'invention, d'une cellule selon l'invention, et/ou d'un animal transformé selon



l'invention, pour la sélection de composé organique ou inorganique capable de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la répllication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver les pathologies liées à une infection par *Listeria*  
5 *monocytogenes* ou un de ses micro-organismes associés.

L'invention comprend également une méthode de sélection de composés capables de se lier à un polypeptide ou un de ses fragments selon l'invention, capables de se lier à une séquence nucléotidique selon l'invention, ou capable de reconnaître un anticorps selon la revendication, et/ou capables de moduler, de  
10 réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la croissance ou la répllication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes, ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez un organisme animal ou humain les pathologies liées à une infection par *Listeria monocytogenes*, ou un de ses micro-organismes associés, caractérisée en ce qu'elle comprend les étapes  
15 suivantes :

- a) mise en contact dudit composé avec ledit polypeptide, ladite séquence nucléotidique, avec une cellule transformée selon l'invention et/ou administration dudit composé à un animal transformé selon l'invention;
- b) détermination de la capacité dudit composé à se lier avec ledit  
20 polypeptide ou ladite séquence nucléotidique, ou de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, ou de moduler la croissance ou la répllication cellulaire, ou d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez ledit animal transformé les pathologies liées à une infection par *Listeria monocytogenes* ou un de ses micro-organismes  
25 associés.

Les cellules et/ou les animaux transformés selon l'invention, pourront avantageusement servir de modèle et être utilisés dans des procédés pour étudier, identifier et/ou sélectionner des composés susceptibles d'être responsables de pathologies induites ou aggravées par *Listeria monocytogenes*, ou susceptibles de  
30 prévenir et/ou de traiter ces pathologies comme par exemple les maladies génitales, oculaires ou systémiques, notamment du système lymphatique. En particulier, les cellules hôtes transformées, notamment les bactéries de la famille des *Listeriae* dont la transformation par un vecteur selon l'invention peut par exemple accroître ou

inhiber son pouvoir infectieux, ou moduler les pathologies habituellement induites ou aggravées par l'infection, pourront être utilisées pour infecter des animaux dont on suivra l'apparition des pathologies. Ces animaux non transformés, infectés par exemple avec des bactéries *Listeriae* transformées, pourront servir de modèle d'étude. De la même manière, les animaux transformés selon l'invention pourront être utilisés dans des procédés de sélection de composés susceptibles de prévenir et/ou de traiter les maladies dues à *Listeria*. Lesdits procédés utilisant lesdites cellules transformées et/ou animaux transformés, font partie de l'invention.

Les composés susceptibles d'être sélectionnés peuvent être des composés organiques tels que des polypeptides ou hydrates de carbone ou tous autres composés organiques ou inorganiques déjà connus, ou des composés organiques nouveaux élaborés à partir de techniques de modélisation moléculaire et obtenus par synthèse chimique ou biochimique, ces techniques étant connues de l'homme de l'art.

Lesdits composés sélectionnés pourront être utilisés pour moduler la croissance et/ou la réplication cellulaire de *Listeria monocytogenes* ou tout autre micro-organisme associé et ainsi pour contrôler l'infection par ces micro-organismes. Lesdits composés selon l'invention pourront également être utilisés pour moduler la croissance et/ou la réplication cellulaire de toutes cellules eucaryotes ou procaryotes, notamment les cellules tumorales et les micro-organismes infectieux, pour lesquelles lesdits composés s'avéreront actifs, les méthodes permettant de déterminer lesdites modulations étant bien connues de l'homme de l'art.

On entend désigner par composé capable de moduler la croissance d'un micro-organisme tout composé permettant de d'intervenir, de modifier, de limiter et/ou de réduire le développement, la croissance, la vitesse de prolifération et/ou la viabilité dudit micro-organisme.

Cette modulation peut être réalisée par exemple par un agent capable de se lier à une protéine et ainsi d'inhiber ou de potentialiser son activité biologique, ou capable de se lier à une protéine membranaire de la surface extérieure d'un micro-organisme et de bloquer la pénétration dudit micro-organisme dans la cellule hôte ou de favoriser l'action du système immunitaire de l'organisme infecté dirigé à l'encontre dudit micro-organisme. Cette modulation peut être également réalisée par

un agent capable de se lier à une séquence nucléotidique d'un ADN ou ARN d'un micro-organisme et de bloquer par exemple l'expression d'un polypeptide dont l'activité biologique ou structurelle est nécessaire à la croissance ou à la reproduction dudit micro-organisme.

- 5 On entend désigner par micro-organisme associé dans la présente invention, tout micro-organisme dont l'expression de gène peut être modulée, régulée, induite ou inhibée, ou dont la croissance ou la réplication cellulaire peut être également modulée par un composé de l'invention. On entend désigner également par micro-organisme associé dans la présente invention, tout micro-organisme comportant des
- 10 séquences nucléotidiques ou des polypeptides selon l'invention. Ces micro-organismes peuvent dans certains cas comporter des polypeptides ou des séquences nucléotidiques identiques ou homologues à celles de l'invention pourront également être détectés et/ou identifiés par les procédés ou kit de détection et/ou d'identification selon l'invention et également servir de cible pour les composés de
- 15 l'invention.

L'invention concerne les composés susceptibles d'être sélectionnés par une méthode de sélection selon l'invention.

L'invention concerne également une composition pharmaceutique comprenant un composé choisi parmi les composés suivants :

- 20 a) une séquence nucléotidique selon l'invention ;  
b) un polypeptide selon l'invention ;  
c) un vecteur selon l'invention ;  
d) un anticorps selon l'invention ; et  
e) un composé susceptible d'être sélectionné par une méthode de sélection
- 25 selon l'invention, éventuellement en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

On entend désigner par quantité efficace, une quantité suffisante dudit composé ou anticorps, ou de polypeptide de l'invention, permettant de moduler la croissance de *Listeria monocytogenes* ou d'un micro-organisme associé.

- 30 L'invention concerne aussi une composition pharmaceutique selon l'invention pour la prévention ou le traitement d'une infection par une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.

L'invention vise en outre une composition immunogène et/ou vaccinale, caractérisée en ce qu'elle comprend un ou plusieurs polypeptides selon l'invention et/ou un ou plusieurs polypeptides hybrides selon l'invention.

L'invention comprend aussi l'utilisation d'une cellule transformée selon  
5 l'invention, pour la préparation d'une composition vaccinale.

L'invention vise également une composition vaccinale, caractérisée en ce qu'elle contient une séquence nucléotidique selon l'invention, un vecteur selon l'invention et/ou une cellule transformée selon l'invention.

L'invention concerne également les compositions vaccinales selon  
10 l'invention, pour la prévention ou le traitement d'une infection par une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.

De manière préférée, les compositions immunogènes et/ou vaccinales selon l'invention destinées à la prévention et/ou au traitement d'infection par *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé seront choisies parmi les  
15 compositions immunogènes et/ou vaccinales comprenant un polypeptide ou un de ses fragments correspondant à une protéine, ou un de ses fragments, de l'enveloppe cellulaire de *Listeria monocytogenes*. Les compositions vaccinales comprenant des séquences nucléotidiques comprendront de préférence également des séquences nucléotidiques codant pour un polypeptide ou un de ses fragments correspondant à  
20 une protéine, ou un de ses fragments, de l'enveloppe cellulaire de *Listeria monocytogenes*.

Parmi ces compositions immunogènes et/ou vaccinales préférées, les plus préférées sont celles comprenant un polypeptide ou un de ses fragments, ou une séquence nucléotidique ou un de ses fragments dont les séquences sont choisies  
25 parmi les séquences nucléotidiques ou d'acides aminés identifiées dans ce groupe fonctionnel et listées précédemment.

Les polypeptides de l'invention ou leurs fragments entrant dans les compositions immunogènes selon l'invention peuvent être sélectionnés par des  
30 techniques connues de l'homme de l'art comme par exemple sur la capacité desdits polypeptides à stimuler les cellules T, qui se traduit par exemple par leur prolifération ou la sécrétion d'interleukines, et qui aboutit à la production d'anticorps dirigés contre lesdits polypeptides.

Chez la souris, chez laquelle une dose pondérale de la composition vaccinale comparable à la dose utilisée chez l'homme est administrée, la réaction anticorps est testée par prélèvement du sérum suivi d'une étude de la formation d'un complexe entre les anticorps présents dans le sérum et l'antigène de la composition vaccinale, selon les techniques usuelles.

Selon l'invention, lesdites compositions vaccinales seront de préférence en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable et, le cas échéant, avec un ou plusieurs adjuvants de l'immunité appropriés.

Aujourd'hui, divers types de vaccins sont disponibles pour protéger l'homme contre des maladies infectieuses : micro-organismes vivants atténués (*M. bovis* - BCG pour la tuberculose), micro-organismes inactivés (virus de la grippe), des extraits acellulaires (*Bordetella pertussis* pour la coqueluche), protéines recombinées (antigène de surface du virus de l'hépatite B), des polysides (pneumocoques). Des vaccins préparés à partir de peptides de synthèse ou de micro-organismes génétiquement modifiés exprimant des antigènes hétérologues sont en cours d'expérimentation. Plus récemment encore, des ADNs plasmidiques recombinés portant des gènes codant pour des antigènes protecteurs ont été proposés comme stratégie vaccinale alternative. Ce type de vaccination est réalisé avec un plasmide particulier dérivant d'un plasmide de *E. coli* qui ne se réplique pas *in vivo* et qui code uniquement pour la protéine vaccinante. Des animaux ont été immunisés en injectant simplement l'ADN plasmidique nu dans le muscle. Cette technique conduit à l'expression de la protéine vaccinale *in situ* et à une réponse immunitaire de type cellulaire (CTL) et de type humoral (anticorps). Cette double induction de la réponse immunitaire est l'un des principaux avantages de la technique de vaccination avec de l'ADN nu.

Les compositions vaccinales comprenant des séquences nucléotidiques ou des vecteurs dans lesquels sont insérées lesdites séquences, sont notamment décrites dans la demande internationale N° WO 90/11092 et également dans la demande internationale N° WO 95/11307.

La séquence nucléotidique constitutive de la composition vaccinale selon l'invention peut être injectée à l'hôte après avoir été couplée à des composés qui favorisent la pénétration de ce polynucléotide à l'intérieur de la cellule ou son transport jusqu'au noyau cellulaire. Les conjugués résultants peuvent être

encapsulés dans des microparticules polymères, comme décrit dans la demande internationale N° WO 94/27238 (Medisorb Technologies International).

Selon un autre mode de réalisation de la composition vaccinale selon l'invention, la séquence nucléotidique, de préférence un ADN, est complexée avec  
5 du DEAE-dextran, avec des protéines nucléaires, avec des lipides ou encapsulée dans des liposomes ou encore introduite sous la forme d'un gel facilitant sa transfection dans les cellules. Le polynucléotide ou le vecteur selon l'invention peut aussi être en suspension dans une solution tampon ou être associé à des liposomes.

Avantageusement, un tel vaccin sera préparé conformément à la technique  
10 décrite par Tacson et al. ou Huygen et al. en 1996 ou encore conformément à la technique décrite par Davis et al. dans la demande internationale N° WO 95/11307.

Un tel vaccin peut être également préparé sous la forme d'une composition contenant un vecteur selon l'invention, placée sous le contrôle d'éléments de régulation permettant son expression chez l'homme ou l'animal. On pourra par  
15 exemple utiliser, en tant que vecteur d'expression *in vivo* de l'antigène polypeptidique d'intérêt, le plasmide pcDNA3 ou le plasmide pcDNA1/neo, tous les deux commercialisés par Invitrogen (R & D Systems, Abingdon, Royaume-Uni). Un tel vaccin comprendra avantageusement, outre le vecteur recombinant, une solution saline, par exemple une solution de chlorure de sodium.

20 On entend désigner par véhicule pharmaceutiquement acceptable, un composé ou une combinaison de composés entrant dans une composition pharmaceutique ou vaccinale ne provoquant pas de réactions secondaires et qui permet par exemple la facilitation de l'administration du composé actif, l'augmentation de sa durée de vie et/ou de son efficacité dans l'organisme,  
25 l'augmentation de sa solubilité en solution ou encore l'amélioration de sa conservation. Ces véhicules pharmaceutiquement acceptables sont bien connus et seront adaptés par l'homme de l'art en fonction de la nature et du mode d'administration du composé actif choisi.

En ce qui concerne les formulations vaccinales, celles-ci peuvent  
30 comprendre des adjuvants de l'immunité appropriés qui sont connus de l'homme de l'art, comme par exemple l'hydroxyde d'aluminium, un représentant de la famille des muramyl peptides comme un des dérivés peptidiques du N-acétyl-muramyl, un lysat bactérien, ou encore l'adjuvant incomplet de Freund.

De préférence, ces composés seront administrés par voie systémique, en particulier par voie intraveineuse, par voie intramusculaire, intradermique ou sous-cutanée, ou par voie orale. De manière plus préférée, la composition vaccinale comprenant des polypeptides selon l'invention, sera administrée à plusieurs  
5 reprises, de manière étalée dans le temps, par voie intradermique ou sous-cutanée.

Leurs modes d'administration, posologies et formes galéniques optimaux peuvent être déterminés selon les critères généralement pris en compte dans l'établissement d'un traitement adapté à un patient comme par exemple l'âge ou le poids corporel du patient, la gravité de son état général, la tolérance au traitement et  
10 les effets secondaires constatés.

L'invention comprend l'utilisation d'une composition selon l'invention, pour le traitement ou la prévention de maladies génitales, induites ou aggravées par *Listeria monocytogenes*.

Enfin, l'invention comprend l'utilisation d'une composition selon  
15 l'invention, pour le traitement ou la prévention de maladies induites ou aggravées par la présence de *Listeria monocytogenes*.

Enfin, l'invention comprend l'utilisation d'une composition selon l'invention, pour le traitement ou la prévention de maladies systémiques, notamment du système lymphatique, induites ou aggravées par la présence de  
20 *Listeria monocytogenes*.

Par ailleurs, la présente invention a également pour objet une banque d'ADN génomique d'une bactérie du genre *Listeria*, de manière préférée, *Listeria monocytogenes*, de manière préférée la souche EGD-e, ladite banque d'ADN étant clonée dans des chromosomes artificiels de bactéries (BAC). Une telle banque  
25 d'ADN génomique contient de très larges inserts du génome de *Listeria*, en particulier des inserts d'une taille comprise entre 50 et 200 kb.

Un des avantages de l'utilisation du système de BAC par rapport à un système de cosmides est que le plasmide utilisé n'est présent qu'à une ou au maximum deux copies par cellule transformée, ce qui réduit le potentiel pour la  
30 recombinaison entre des fragments d'ADN, et de façon plus importante, ce qui élimine le risque de surexpression létale de gènes clonés bactériens. Néanmoins, la présence du BAC en tant que simple copie signifie que l'ADN plasmidique doit être extrait d'un large volume de culture afin d'obtenir suffisamment d'ADN pour la

séquence. De plus, la stabilité et la fidélité de maintenance des clones dans une banque de BAC permettent l'identification de différences génomiques parmi différentes souches de *Listeria*, et l'identification de ces différences génétiques qui peuvent être responsables des variations phénotypiques observées entre les différentes souches.

La banque d'ADN génomique décrite dans la présente invention, en particulier la banque LM\_baclim déposée à la CNCM le 11 avril 2000 sous le numéro d'ordre n°I-2439 recouvre en effet le génome de *Listeria monocytogenes*. Toutefois, bien que certaines régions n'aient pas pu être clonées dans ladite banque, en raison de problèmes de létalités chez *Escherichia coli*, ces régions peuvent facilement être amplifiées et identifiées par l'homme du métier, en utilisant des oligonucléotides spécifiques des séquences des extrémités des différents clones qui forment les contigs.

La présente invention concerne également les méthodes pour l'isolement d'un polynucléotide d'intérêt présent chez une souche de *Listeria* et absente chez une autre souche, qui utilise au moins une banque d'ADN basée sur un BAC, contenant le génome de *Listeria*. La méthode selon l'invention pour l'isolement d'un polynucléotide d'intérêt peut comprendre les étapes suivantes :

- a) isoler au moins un polynucléotide contenu dans un clone de la banque d'ADN basée sur un BAC, d'origine de *Listeria*,
- b) isoler :
  - au moins un polynucléotide génomique ou ADNc d'une *Listeria*, ladite *Listeria* appartenant à une souche différente de la souche utilisée pour la construction de la banque d'ADN BAC de l'étape a) ou, de façon alternative,
  - au moins un polynucléotide contenu dans un clone d'une banque d'ADN basée sur un BAC préparé à partir du génome d'une *Listeria* qui est différente de la *Listeria* utilisée pour la construction de la banque d'ADN basée sur le BAC de l'étape a).
- c) hybrider le polynucléotide de l'étape a) au polynucléotide de l'étape b) ;
- d) sélectionner les polynucléotides de l'étape a) qui n'ont pas formé de complexe d'hybridation avec les polynucléotides de l'étape b) ;
- e) caractériser le polynucléotide sélectionné.



On peut préparer le polynucléotide de l'étape a) par la digestion d'au moins un clone recombinant BAC avec une enzyme de restriction appropriée, et de façon optionnelle, l'amplification de l'insert polynucléotide qui en résulte.

5 Ainsi, la méthode de l'invention permet à l'homme du métier d'effectuer des études génomiques comparatives entre les différentes souches ou espèces du genre *Listeria*, par exemple entre les souches pathogéniques et leurs équivalant non pathogènes.

En particulier, il est possible d'étudier et de déterminer les régions de polymorphisme entre lesdites souches.

10

### EXEMPLES

#### Exemple 1 : Fabrication de la banque BAC d'ADN de *Listeria monocytogenes*

Les blocs contenant l'ADN chromosomique de *Listeria monocytogenes*, d'un poids moyen de 80 mg ont été préparés dans l'agarose, par des méthodes  
15 connues de l'homme du métier. Ils ont été gardés dans une solution de 500 mM EDTA, pH8,0.

On utilise 8 blocs pour la construction de la banque. Ces blocs d'agarose sont lavés deux fois pendant 30 min sur de la glace dans du TE/PMSF (10 mM Tris-HCl, pH8,0 ; 1 mM EDTA ; 100 µM PMSF). Puis, on lave les blocs d'agarose deux  
20 fois pendant 30 min sur de la glace dans du TE (10 mM Tris-HCl, pH8,0 ; 1 mM EDTA). Chaque bloc d'agarose est coupé en huit fines tranches, et seize tranches sont mises ensemble dans un seul tube. Les blocs sont alors incubés dans une solution de pré-incubation (20 µM Spermidine, 5 mM DTT, tampon de restriction 1x), pendant 40 min sur de la glace. On change le tampon de pré-incubation une  
25 fois et on l'incube de nouveau pendant 40 min.

Les digestions partielles sont effectuées dans un tampon de digestion (2 mM Spermidine, 0,5 mM DTT, 0,02 µg BSA, tampon de restriction 0,5x) pendant 30 min à 4°C, sans enzyme de restriction, puis on ajoute pendant 2 h à 37°C, 0,1 ; 0,25 ; 0,4 ou 0,5 d'unité d'EcoRI (life Tech) par tube. La digestion partielle est  
30 arrêtée par remplacement du tampon de digestion par 200 µl EDTA 0,5 M, les tubes étant placés sur de la glace.

Les blocs d'agarose sont alors placés sur un gel d'agarose 1 % SeaKem GTG (FMC), 0,5x tampon TBE. On effectue alors le gel d'électrophorèse en champs pulsé avec les conditions suivantes :

- 5            temps de pulsation initial : 90 secondes,
- temps de pulsation final : 90 secondes,
- 6 V/cm,
- angle inclus : 120 °,
- durée de gel : 16 h, 12°C.

- 10           On coupe la région comprise entre 50 et 200 kb à partir du gel, et on la sépare en trois morceaux (50-100 kb, 100-150 kb, 150-200 kb). Le gel pour le clonage ne doit pas être teinté avec le bromure d'etidium.

Ces blocs d'agarose sont placés dans un nouveau gel d'agarose 1 % SeaKem GTG (FMC), 0,5x tampon TBE. On effectue un nouveau gel d'électrophorèse en champs pulsé avec les conditions suivantes :

- 15           temps initial de pulsation : 5 secondes,
- temps final de pulsation : 5 secondes,
- 4 V/cm,
- angle inclus : 120°,
- durée de gel : 15 h, 12°C.

- 20           On découpe de nouveau, sans avoir teinté l'ADN avec du bromure d'etidium, la région comprise entre 50 et 200 kb et on la sépare en trois morceaux (50-100 kb, 100-150 kb, 150-200 kb).

Les morceaux d'agarose sont coupés en petits morceaux d'environ 100 mg chacun.

- 25           L'agarose est incubé à 67°C pendant 10 min puis refroidi à 42°C, et on ajoute 1 µl de Beta-Agarase (FMC, 1U/µl). On incube pendant 30 min à 42°C, et on effectue une dénaturation de la Beta-Agarase après digestion complète de l'agarose par incubation pendant 10 min à 67°C, puis incubation sur glace.

- 30           150 ng de vecteurs d'ADN digérés par EcoRI et des phosphorylés (CIP, Roche) sont utilisés pour la construction de la banque de BAC. On utilise le vecteur pBelaBAC-Kan (Mozo et al., Mol. Gen. Genet., 1998, 258, 562-70) pour la construction de ladite banque. On incube donc 150 ng dudit vecteur avec 150 ng

d'inserts d'ADN, dans un tampon de ligation 1x avec 5 unités de Ligase (USB 1 unité/ $\mu$ l) pendant 16 h à 12°C.

Le tampon de ligation est le tampon recommandé par le fabricant.

La transformation est effectuée en ajoutant 5  $\mu$ l de la réaction de ligation à  
5 40  $\mu$ l de cellules électrocompétentes DH10B, et l'électroporation est effectuée dans un électroporateur Life Tech avec les conditions suivantes :

- 330  $\mu$ F, 4 k $\Omega$ , DC Volts :low $\Omega$ , taux de charge : rapide, cuvette d'électroporation 1,5 mm.

On ajoute 1 mm de milieu de culture SOC aux cellules et on incube pendant  
10 45 min à 37°C. On étale ensuite les cellules sur une boîte contenant du LB agar et qui contient également 30 g/ml de kanamicine, 100  $\mu$ g/ml d'IPTG et 40  $\mu$ g/ml d'X-Gal. On sélectionne les cellules recombinantes qui sont blanches par rapport aux cellules bleues, et on caractérise la banque de BAC en effectuant des cartes de restriction de chacun des clones ainsi obtenus.

## 15 **Exemple 2 : Annotations et analyse de la séquence génomique de *Listeria monocytogenes***

La bio-informatique a un rôle clé dans les trois phases d'un projet génome : suivi des inserts réalisés par la méthode de séquençage aléatoire, phase de finition de la séquence génome, et annotations. Les Inventeurs ont développé un logiciel  
20 complet qui permet de répondre à ces trois exigences : GMP-Tool-box (GMPTB).

Suivi : Durant la procédure de séquençage aléatoire, GMPTB extrait des fichiers résultats (format Phrap) toutes les caractéristiques nécessaires à l'assemblage (nombre de contigs, nombre de séquences...) et les affiche dans un tableau. Ce tableau peut être utilisé pour créer des graphiques qui montrent la  
25 progression de cette méthode et qui permettent une identification rapide des problèmes d'assemblage. De façon importante, GMPTB permet la comparaison entre les résultats d'assemblage et crée une page HTML afin de décrire la relation entre les nouveaux et les anciens contigs (fusion, création...).

Phase de finition de la séquence : Différentes stratégies sont utilisées par  
30 GMPTB pour prédire les liaisons entre les contigs. GMPTB recherche en particulier tous les clones permettant les liaisons, sur la base de la localisation et de l'orientation des séquences terminales. Il peut aussi indiquer les misassemblages. GMPTB peut aussi prédire les liaisons, sur la base de comparaisons de génomes, en

recherchant les similarités entre les extrémités des contigs et d'autres séquences génomiques (haut niveau nucléotidique et des acides aminés).

Annotations : GMPTB permet de commencer l'annotation durant la phase terminale. De fait, GMPTB crée un fichier individuel de protéines (IPF), pour  
5 chaque phase ouverte de lecture (ORF) lors de l'assemblage. Ce sont des fichiers texte, dans un format spécifique qui contient trois catégories de champs :

- les champs minimums contiennent un numéro d'identification, un  
numéro de version, la localisation et les séquences. La séquence  
nucléotidique exportée correspond à la séquence de la phase ouverte de  
10 lecture avec 500 bases additionnelles avant le premier codon stop et 200  
bases additionnelles après le second stop.
- le champ automatique contient des résultats ajoutés par différents  
programmes à l'IPF. Il concerne la séquence d'ADN (recherche de sites  
de liaisons de ribosomes, promoteurs ou terminateurs, capacité  
15 codante...) et la séquence protéique prédite (homologie, domaine...).
- le champ manuel contient des résultats et des commentaires ajoutés par  
les utilisateurs. Après un nouvel assemblage, GMPTB extrait toutes les  
ORF et crée de nouveaux IPF selon les séquences IPF dérivés des  
assemblages précédents. GMPTB reconnaît les IPF modifiés, qui sont  
20 les seuls utilisés pour une nouvelle analyse automatique après chaque  
assemblage.

La spécificité de cette stratégie est que l'annotation des IPF est indépendante  
de l'étape de l'assemblage, à moins que sa séquence ne soit modifiée. Les IPF sont  
reliés à une banque de donnée génomique Sybases (du modèle SubtiList) et sont  
25 accessibles grâce à l'intermédiaire d'un serveur web. Ils peuvent être modifiés et  
annotés par différents Inventeurs durant la phase de projet de génome.

#### **Dépôt de matériel biologique**

Les organismes suivants ont été déposés le 11 Avril 2000 à la Collection  
Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM), 25 rue du Docteur Roux,  
30 75724 Paris Cedex 15, France, selon les dispositions du Traité de Budapest :

- Souche de *Listeria monocytogenes* EGD-e, Numéro d'ordre I-2440 ;
- Banque BAC d'ADN de *Listeria* (145 clones), LM-baclib, Numéro d'ordre I-  
2439. Ladite banque BAC (I-2439) a été réalisée dans la souche *E.coli* DH10B

(Grant et al., PNAS, 87, 4645, 1990), construite après digestion partielle de l'ADN de *Listeria monocytogenes* par l'enzyme EcoRI dans le vecteur pBelaBAC-Kan (Mozo et al., Mol. Gen. Genet., 1998, 258, 562-70).

## 5 TABLEAU 1

SeqID	Nom	Localisation de la séquence nucléique de l'ORF sur la SEQ ID N° 1		Fonction
SeqID n° 2	LM-1000.1	From 589066	to 589362	Unknown, peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 3	LM-1002.1	From 587012	to 589033	Unknown, similar to internalin protein
SeqID n° 4	LM-1050.1	From 2907153	to 2909708	Unknown, LPXTG protein with LRR repeats
SeqID n° 5	LM-1179.1	From 761552	to 763468	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 6	LM-118.2	From 2787416	to 2788363	Unknown, peptidoglycan anchored protein (LPXTG motif)
SeqID n° 7	LM-1235.1	From 875721	to 881855	Unknown, surface protein (LPXTG motif)
SeqID n° 8	LM-1248.1	From 865530	From 865530	unknown, surface protein (LPXTG motif)
SeqID n° 9	LM-1248.1	From 865530	From 865530	unknown, surface protein (LPXTG motif)
SeqID n° 10	LM-1305.1	From 919020	to 920408	Unknown, similar to wall associated protein precursor (LPXTG motif)
SeqID n° 11	LM-1490.1	From 649864	to 651633	Unknown, similar to internalin proteins
SeqID n° 12	LM-1514.1	From 664242	to 668990	Unknown, peptidoglycan bound protein (LPXTG motif) similar to adhesin
SeqID n° 13	LM-1660.3	From 501312	to 501617	Unknown
SeqID n° 14	LM-1738.1	From 547520	to 549337	Unknown, similar to internalin proteins
SeqID n° 15	LM-1756.2	From 2679599	to 2681125	Unknown, surface protein (GW repeat) similar to N-acetylmuramidase
SeqID n° 16	LM-1778.1	From 1442368	to 1443687	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 17	LM-1972.3	From 1313654	to 1315435	Unknown, similar to internalin proteins

SeqID n° 18	LM-1974.3	From 1315767	to 1317563	Unknown, similar to internalin proteins
SeqID n° 19	LM-2137.2	From 360936	to 366272	Unknown, similar to internalin proteins
SeqID n° 20	LM-229.1	From 1170002	to 1171621	Unknown, putative interanlin, similar to InIA
SeqID n° 21	LM-2323.1	From 344850	to 346049	Unknown, similar to surface proteins
SeqID n° 22	LM-2435.1	From 159663	to 161378	unknown, surface anchored protein (LPXTG motif)
SeqID n° 23	LM-2438.1	From 157089	to 159470	unknown, surface anchored protein (LPXTG motif)
SeqID n° 24	LM-2503.1	From 2108500	to 2109603	Unknown, putative cell surface protein, similar to internalin proteins
SeqID n° 25	LM-2504.1	From 2106329	to 2108209	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 26	LM-3009.3	From 1149887	to 1152475	unknown, similar to fibrinogen-binding protein (LPXTG motif)
SeqID n° 27	LM-311.2	From 131419	to 133773	Unknown, similar to 5 - nucleotidase (LPXTG motif)
SeqID n° 28	LM-3144.1	From 351459	to 355505	Unknown, similar to cell surface proteins (LPXTG motif)
SeqID n° 29	LM-3369.1	From 1869532	to 1872243	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 30	LM-3418.2	From 1717193	to 1722328	unknown, peptidoglycan linked protein (LPxTG)
SeqID n° 31	LM-3477.1	From 828168	to 830108	Unknown, similar to internalin
SeqID n° 32	LM-3609.1	From 1106041	to 1107759	unknown, similar to AUTOLYSIN (EC 3.5.1.28) (N-ACETYLMURAMOYL-L-ALANINE AMIDASE)
SeqID n° 33	LM-3691.2	From 2162323	to 2164011	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 34	LM-3700.2	From 2653211	to 2657803	Unknown, peptidoglycan anchored protein (LPXTG motif)
SeqID n° 35	LM-3752.3	From 357775	to 359676	Unknown, similar to internalin
SeqID n° 36	LM-757.1	From 2544267	to 2545433	Unknown, similar to internalin proteins

SeqID n° 37	LM-814.2	From 2264772	to 2268230	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 38	LM-816.2	From 2259753	to 2264591	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SeqID n° 39	LM-894.1	From 2469093	to 2471915	Unknown, similar to internalin proteins
SeqID n° 40	LM-966.1	From 173309	to 174556	Unknown, cell wall anchored protein
SeqID n° 41	LM-973.1	From 169510	to 172008	Unknown, similar to internalin proteins
SeqID n° 42	LM-133.1	From 1230773	to 1232308	Unknown, similar to cobyrinic acid synthase CbiP
SeqID n° 43	LM-134.1	From 1229967	to 1230773	Unknown, similar to cobalt transport ATP-binding protein CbiO
SeqID n° 44	LM-135.1	From 1229277	to 1229954	Unknown, similar to cobalt transport protein Q
SeqID n° 45	LM-136.1	From 1228994	to 1229290	Unknown, similar to putative cobalt transport protein CbiN
SeqID n° 46	LM-137.1	From 1228263	to 1228997	Unknown, similar to cobalamin biosynthesis protein M
SeqID n° 47	LM-138.1	From 1227556	to 1228266	Unknown, similar to S-adenosyl-methionine: precorrin-2 methyltransferase
SeqID n° 48	LM-139.1	From 1226778	to 1227563	unknown, similar to anaerobic Cobalt Chelatase In Cobalamin Biosynthesis
SeqID n° 49	LM-141.1	From 1225300	to 1226781	Unknown, similar uroporphyrinogen-III methyltransferase/uroporphyrinogen-III synthase
SeqID n° 50	LM-142.1	From 1224548	to 1225300	Unknown, similar to cobalamin biosynthesis J protein CbiJ
SeqID n° 51	LM-143.1	From 1223826	to 1224551	Unknown, similar to precorrin methylase
SeqID n° 52	LM-144.1	From 1222798	to 1223829	Unknown, similar to cobalamin biosynthesis protein G CbiG
SeqID n° 53	LM-145.1	From 1222062	to 1222811	Unknown, similar to precorrin-3 methylase
SeqID n° 54	LM-146.1	From 1221487	to 1222056	Unknown, similar to precorrin decarboxylase
SeqID n° 55	LM-147.1	From 1220901	to 1221497	Unknown, similar to precorrin methylase

SeqID n° 56	LM-149.1	From 1219783	to 1220904	Unknown, similar to cobalamin biosynthesis protein CbiD
SeqID n° 57	LM-150.1	From 1219135	to 1219767	Unknown, similar to precorrin isomerase
SeqID n° 58	LM-151.1	From 1218175	to 1219122	Unknown, similar to cobalamine synthesis protein CbiB
SeqID n° 59	LM-152.1	From 1216963	to 1217322	FALSE ORF
SeqID n° 60	LM-181.1	From 1196097	to 1197182	unknown, similar to Salmonella typhimurium CobD protein and to histidinol-phosphate aminotransferase
SeqID n° 61	LM-207.1	From 1180152	to 1181036	Regulatory protein similar to Salmonella typhimurium PocR protein
SeqID n° 62	LM-209.1	From 1179168	to 1179743	unknown, similar to alpha-ribazole-5 -phosphatase
SeqID n° 63	LM-210.1	From 1178421	to 1179167	unknown, highly similar to cobalamin (5 - phosphatase) synthetase
SeqID n° 64	LM-212.1	From 1177862	to 1178419	unknown, similar to bifunctional cobalamin biosynthesis protein CopB, (cobinamide kinase; cobinamide phosphatase guanylyltransferase)
SeqID n° 65	LM-1.3	From 2710869	to 2712755	Unknown, similar to NADH dehydrogenase
SeqID n° 66	LM-10.1	From 2718312	to 2719055	Unknown
SeqID n° 67	LM-100.1	From 2775644	to 2776486	Unknown, similar to aldo/keto reductase
SeqID n° 68	LM-1003.1	From 586329	to 586994	Unknown
SeqID n° 69	LM-1004.1	From 585015	to 585962	Unknown, similar to B. subtilis DeoR transcriptional regulator
SeqID n° 70	LM-1005.1	From 583507	to 584757	Unknown, similar to putative NAD(P)-dependent oxidoreductase
SeqID n° 71	LM-1007.1	From 583072	to 583452	Unknown
SeqID n° 72	LM-1008.1	From 582526	to 583047	Unknown, similar to PTS system, glucitol/sorbitol-specific enzyme II CII component
SeqID n° 73	LM-1009.1	From 581519	to 582505	Unknown, similar to PTS system, glucitol/sorbitol-specific enzyme IIBC component
SeqID n° 74	LM-101.1	From 2776532	to 2776777	unknown, similar to B. subtilis YaaL protein



SeqID n° 75	LM-1010.1	From 581150	to 581500	Unknown, similar to PTS system, glucitol/sorbitol-specific enzyme IIA component
SeqID n° 76	LM-1011.1	From 580119	to 581039	Unknown, similar to ABC transporter (binding protein)
SeqID n° 77	LM-1012.1	From 578886	to 580079	Unknown, similar to penicillin-binding protein
SeqID n° 78	LM-1013.1	From 577632	to 578648	Unknown, similar to tagatose-1,6-diphosphate aldolase
SeqID n° 79	LM-1015.1	From 576403	to 577584	Unknown, similar to N-acyl-L-amino acid amidohydrolase
SeqID n° 80	LM-1017.1	From 575166	to 576437	Unknown, similar to N-carbamyl-L-amino acid amidohydrolase
SeqID n° 81	LM-1018.1	From 573740	to 575062	Unknown, similar to 6-phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 82	LM-102.1	From 2776792	to 2777388	unknown, highly similar to recombination protein recR
SeqID n° 83	LM-1020.1	From 572600	to 573568	Unknown, similar to transcription regulator (LacI family)
SeqID n° 84	LM-1022.1	From 571204	to 572559	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 85	LM-1023.1	From 570916	to 571185	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 86	LM-1024.1	From 570008	to 570838	Unknown
SeqID n° 87	LM-1025.1	From 569094	to 569948	Unknown
SeqID n° 88	LM-1029.1	From 567030	to 569081	Unknown
SeqID n° 89	LM-103.1	From 2777497	to 2777814	Unknown, highly similar to B. subtilis YaaK protein
SeqID n° 90	LM-1031.1	From 565764	to 567014	Unknown, conserved hypothetical protein similar to putative glucosaminyltransferase
SeqID n° 91	LM-1032.1	From 564257	to 565753	Unknown, hypothetical secreted protein
SeqID n° 92	LM-1033.1	From 562789	to 564264	Unknown, transmembrane protein
SeqID n° 93	LM-1036.1	From 561819	to 562559	Unknown, similar to transcription regulator (TipA from Streptomyces coelicolor)
SeqID n° 94	LM-1037.1	From 560443	to 561774	Unknown
SeqID n° 95	LM-1040.2	From 2915744	to 2916097	Unknown
SeqID n° 96	LM-1041.2	From 2915219	to 2915641	Unknown similar to transcriptional regulator (MarR family)

SeqID n° 97	LM-1043.1	From 2914057	to 2915205	Unknown, similar to efflux proteins
SeqID n° 98	LM-1045.1	From 2912595	to 2913686	unknown, highly similar to phosphoserine aminotransferase
SeqID n° 99	LM-1047.1	From 2911415	to 2912602	unknown, similar to D-3-phosphoglycerate dehydrogenase
SeqID n° 100	LM-1048.1	From 2910085	to 2911326	unknown, similar to an hypothetical protein from <i>Thermotoga maritima</i>
SeqID n° 101	LM-1049.1	From 2909753	to 2910076	unknown
SeqID n° 102	LM-1052.1	From 2904598	to 2906940	Unknown, amino-terminal domain similar to transcription regulators
SeqID n° 103	LM-1054.1	From 2903200	to 2904402	unknown, similar to carboxypeptidase
SeqID n° 104	LM-1055.1	From 2901800	to 2903200	Unknown, similar to transmembrane efflux protein
SeqID n° 105	LM-1056.1	From 2900594	to 2901784	unknown, similar to peptidases
SeqID n° 106	LM-1057.1	From 2899313	to 2900506	unknown, similar to transport protein
SeqID n° 107	LM-1058.1	From 2898535	to 2899266	Unknown, similar to reductases
SeqID n° 108	LM-1059.1	From 2897847	to 2898374	Unknown, similar to transcriptional regulator
SeqID n° 109	LM-1060.1	From 2897116	to 2897823	Unknown
SeqID n° 110	LM-1061.1	From 2896241	to 2897059	unknown, similar to D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase
SeqID n° 111	LM-1064.1	From 2894510	to 2895883	Unknown, similar to GTPase
SeqID n° 112	LM-1066.1	From 2892596	to 2894485	unknown, highly similar to <i>GidA</i> protein
SeqID n° 113	LM-1067.2	From 2892057	to 2892437	Unknown, hypothetical secreted protein
SeqID n° 114	LM-1069.3	From 434945	to 435817	Unknown
SeqID n° 115	LM-107.1	From 2777844	to 2779583	unknown, highly similar to DNA polymerase III (gamma and tau subunits)
SeqID n° 116	LM-1070.1	From 433153	to 434745	Unknown, similar to phosphoenolpyruvate synthase (N-terminal part)
SeqID n° 117	LM-1074.1	From 429630	to 432095	internalin
SeqID n° 118	LM-1075.1	From 428981	to 429403	Unknown
SeqID n° 119	LM-1076.1	From 428576	to 428968	Unknown
SeqID n° 120	LM-1077.1	From 428127	to 428507	Unknown, similar to <i>B. subtilis</i> YyaH protein
SeqID n° 121	LM-1079.1	From 427104	to 428111	Unknown, similar to phosphate transport protein

SeqID n° 122	LM-108.1	From 2779910	to 2780374	Unknown
SeqID n° 123	LM-1080.1	From 426597	to 426995	Unknown
SeqID n° 124	LM-1081.1	From 426190	to 426606	Unknown
SeqID n° 125	LM-1082.1	From 424130	to 426064	Unknown, similar to transcriptional antiterminator (BglG family)
SeqID n° 126	LM-1083.1	From 421469	to 424096	Unknown, highly similar to E. coli YbgG protein, a putative sugar hydrolase
SeqID n° 127	LM-1084.1	From 420335	to 421447	Unknown, similar to fructose-specific phosphotransferase enzyme IIC
SeqID n° 128	LM-1085.1	From 419999	to 420331	Unknown, similar to fructose-specific phosphotransferase enzyme IIB
SeqID n° 129	LM-1088.1	From 419544	to 420002	Unknown, similar to phosphotransferase system enzyme IIA
SeqID n° 130	LM-1089.1	From 418891	to 419373	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 131	LM-109.1	From 2780933	to 2782297	Unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific enzyme IIC
SeqID n° 132	LM-1091.1	From 417963	to 418763	Unknown, similar to 1-pyrroline-5-carboxylate reductase (ProC)
SeqID n° 133	LM-1092.1	From 417535	to 417960	Unknown, weakly similar to blasticidin S-acetyltransferase
SeqID n° 134	LM-1093.1	From 416796	to 417479	Unknown, similar to L. monocytogenes extracellular P60 protein
SeqID n° 135	LM-1094.1	From 416203	to 416652	Unknown
SeqID n° 136	LM-1097.1	From 415224	to 416168	Unknown, highly similar to B. subtilis YqfA protein
SeqID n° 137	LM-1098.1	From 414928	to 415227	Unknown
SeqID n° 138	LM-1099.1	From 414095	to 414760	Unknown, similar to uracil-DNA glycosylase
SeqID n° 139	LM-11.1	From 2719056	to 2719775	Unknown
SeqID n° 140	LM-1100.1	From 412849	to 413964	Unknown, low temperature requirement protein A
SeqID n° 141	LM-1101.1	From 412457	to 412825	Unknown
SeqID n° 142	LM-1102.1	From 411992	to 412363	Unknown, similar to B. subtilis YhdG protein
SeqID n° 143	LM-1105.1	From 409944	to 411860	Unknown, similar to B. subtilis lolD protein, to acetolactate synthase
SeqID n° 144	LM-1107.1	From 408954	to 409931	Unknown, similar to B. subtilis lolC protein and to fructokinase

SeqID n° 145	LM-1108.1	From 408116	to 408937	Unknown, similar to B. subtilis lolB protein
SeqID n° 146	LM-1110.2	From 406637	to 408103	Unknown, highly similar to B. subtilis methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase lolA
SeqID n° 147	LM-1112.2	From 405680	to 406441	Unknown, similar to B. subtilis transcription repressor of myo-inositol catabolism operon lolR
SeqID n° 148	LM-1114.1	From 405221	to 405607	Unknown
SeqID n° 149	LM-1115.3	From 404365	to 404994	Unknown
SeqID n° 150	LM-1116.4	From 807976	to 810792	Unknown, similar to transcriptional regulator (NifA/NtrC family)
SeqID n° 151	LM-1117.1	From 807255	to 807689	Unknown, similar to mannose-specific phosphotransferase system (PTS) component IIA
SeqID n° 152	LM-1118.1	From 806770	to 807255	Unknown, similar to mannose-specific phosphotransferase system (PTS) component IIB
SeqID n° 153	LM-112.1	From 2783466	to 2784107	Unknown
SeqID n° 154	LM-1121.1	From 805784	to 806596	Unknown, similar to mannose-specific phosphotransferase system (PTS) component IIC
SeqID n° 155	LM-1122.1	From 804887	to 805765	Unknown, similar to mannose-specific phosphotransferase system (PTS) component IID
SeqID n° 156	LM-1123.1	From 804382	to 804729	Unknown
SeqID n° 157	LM-1125.1	From 803745	to 804212	Unknown
SeqID n° 158	LM-1126.1	From 803201	to 803548	Unknown
SeqID n° 159	LM-1127.1	From 802356	to 802739	Unknown
SeqID n° 160	LM-1128.1	From 801336	to 802202	Unknown, similar to transcription regulator (repressor)
SeqID n° 161	LM-1129.1	From 800965	to 801297	Unknown
SeqID n° 162	LM-113.1	From 2784354	to 2784674	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 163	LM-1130.1	From 799996	to 800925	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 164	LM-1131.1	From 798828	to 799817	Unknown, similar to alcohol dehydrogenase
SeqID n° 165	LM-1132.1	From 798141	to 798788	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 166	LM-1133.1	From 797353	to 798105	Unknown

SeqID n° 167	LM-1134.1	From 796075	to 797193	Unknown, similar to transcriptional regulator (LacI family)
SeqID n° 168	LM-1135.1	From 795034	to 796062	Unknown, similar to alpha-1,6-mannanase
SeqID n° 169	LM-1136.1	From 793777	to 795030	Unknown, similar to sugar ABC transporter, periplasmic sugar-binding protein
SeqID n° 170	LM-1137.1	From 792879	to 793754	Unknown, similar to ABC transporter, permease protein
SeqID n° 171	LM-1138.1	From 791977	to 792867	Unknown, similar to putative sugar ABC transporter, permease protein
SeqID n° 172	LM-1139.1	From 790662	to 791960	Unknown
SeqID n° 173	LM-114.1	From 2784805	to 2786319	Unknown, highly similar to gluconate kinase
SeqID n° 174	LM-1140.1	From 789520	to 790509	Unknown, similar to lipoate-protein ligase
SeqID n° 175	LM-1141.1	From 788642	to 789514	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 176	LM-1142.1	From 787320	to 788576	Unknown, similar to ATP/GTP-binding protein
SeqID n° 177	LM-1143.1	From 786372	to 786992	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 178	LM-1144.1	From 785754	to 786362	Unknown
SeqID n° 179	LM-1146.1	From 784788	to 785747	Unknown
SeqID n° 180	LM-1147.1	From 783901	to 784788	Unknown
SeqID n° 181	LM-1149.1	From 782794	to 783774	Unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 182	LM-1151.1	From 781896	to 782801	Unknown; Similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 183	LM-1152.1	From 781103	to 781924	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 184	LM-1153.2	From 780377	to 780988	Unknown, weakly similar to a bile acid 7-alpha dehydratase
SeqID n° 185	LM-1154.1	From 779616	to 780296	unknown, similar to transcription regulator Crp/Fnr family
SeqID n° 186	LM-1155.1	From 778654	to 779490	Unknown, weakly similar to a putative haloacetate dehalogenase
SeqID n° 187	LM-1156.1	From 778262	to 778558	Unknown
SeqID n° 188	LM-1157.1	From 777692	to 778207	Unknown
SeqID n° 189	LM-1158.1	From 777209	to 777496	Unknown
SeqID n° 190	LM-1159.1	From 776761	to 777102	unknown
SeqID n° 191	LM-1160.1	From 776398	to 776697	Unknown, hypothetical
SeqID n° 192	LM-1161.1	From 775744	to 776247	Unknown

SeqID n° 193	LM-1164.1	From 773715	to 775715	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 194	LM-1165.1	From 772996	to 773700	Unknown
SeqID n° 195	LM-1166.1	From 772310	to 772999	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 196	LM-1167.1	From 771949	to 772326	Unknown, similar to transcriptional regulator (GntR family)
SeqID n° 197	LM-1168.1	From 771026	to 771685	Unknown, similar to putative transcription regulator
SeqID n° 198	LM-1169.1	From 769639	to 771012	Unknown, similar to 6-phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 199	LM-117.1	From 2786435	to 2787373	Unknown, secreted protein with 1 GW repeat
SeqID n° 200	LM-1171.1	From 767766	to 769619	Unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIABC component
SeqID n° 201	LM-1172.1	From 766810	to 767742	Unknown
SeqID n° 202	LM-1173.1	From 766351	to 766797	Unknown, similar to ribose 5-phosphate isomerase
SeqID n° 203	LM-1174.1	From 765683	to 766354	Unknown, similar to Ribulose-5-Phosphate 3-Epimerase
SeqID n° 204	LM-1175.1	From 764465	to 765469	Unknown, similar to transcriptional regulator (LacI family)
SeqID n° 205	LM-1176.1	From 763798	to 764307	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 206	LM-1181.1	From 760455	to 760859	Unknown
SeqID n° 207	LM-1182.2	From 759972	to 760310	Unknown
SeqID n° 208	LM-1183.2	From 759479	to 759958	Unknown
SeqID n° 209	LM-1184.3	From 2916291	to 2916890	Unknown, similar to yeast protein Frm2p involved in fatty acid signaling
SeqID n° 210	LM-1186.1	From 2916946	to 2917266	Unknown, similar to thioredoxin
SeqID n° 211	LM-1189.1	From 2917389	to 2918051	Unknown, similar to phosphoglucomutase
SeqID n° 212	LM-119.2	From 1239842	to 1240201	unknown
SeqID n° 213	LM-1190.1	From 2918048	to 2919169	unknown; similar to unknown proteins
SeqID n° 214	LM-1195.1	From 2919166	to 2921343	Unknown, similar to a maltose phosphorylase
SeqID n° 215	LM-1196.1	From 2921340	to 2922371	Unknown, similar to oxidoreductases
SeqID n° 216	LM-1198.1	From 2922429	to 2923223	Unknown, highly similar to an E. coli protein

SeqID n° 217	LM-1199.1	From 2923236	to 2924288	Unknown, similar to alcohol dehydrogenase
SeqID n° 218	LM-1201.1	From 2924307	to 2925158	Unknown, similar to sugar ABC transporter permease protein
SeqID n° 219	LM-1202.1	From 2925145	to 2926026	Unknown, similar to sugar ABC transporter permease protein
SeqID n° 220	LM-1203.1	From 2926101	to 2927393	Unknown, similar to sugar binding protein (ABC transporter)
SeqID n° 221	LM-1205.1	From 2927390	to 2928631	Unknown, similar to Sucrose phosphorylase
SeqID n° 222	LM-1206.1	From 2928668	to 2929090	unknown, weakly similar to sucrose phosphorylase
SeqID n° 223	LM-1208.1	From 2929315	to 2930340	Unknown, similar to transcriptional regulator
SeqID n° 224	LM-1209.1	From 2930479	to 2932473	unknown
SeqID n° 225	LM-121.1	From 1239039	to 1239797	unknown, similar to rRNA methylase
SeqID n° 226	LM-1210.1	From 2932609	to 2933148	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 227	LM-1212.1	From 2933303	to 2934715	unknown, similar to transmembrane efflux proteins
SeqID n° 228	LM-1213.1	From 2934756	to 2935070	Unknown, highly similar to B. subtilis YulD protein
SeqID n° 229	LM-1214.1	From 2935083	to 2935904	unknown, highly similar to rhamnulose-1-phosphate aldolase
SeqID n° 230	LM-1216.1	From 2935917	to 2937179	unknown, highly similar to L-rhamnose isomerase
SeqID n° 231	LM-1218.1	From 2937192	to 2938643	unknown; similar to rhamnulokinase
SeqID n° 232	LM-122.1	From 1237934	to 1239013	unknown, similar to endo-1,4-beta-glucanase and to aminopeptidase
SeqID n° 233	LM-1220.1	From 2938662	to 2939930	Unknown, similar to sugar transport proteins
SeqID n° 234	LM-1221.1	From 2940053	to 2941033	Unknown, similar to AraC-type regulatory protein
SeqID n° 235	LM-1222.1	From 2941083	to 2941544	unknown
SeqID n° 236	LM-1223.2	From 2941599	to 2942219	unknown, highly similar to B. subtilis Jag protein
SeqID n° 237	LM-1224.3	From 2942216	to 2943079	Unknown, highly similar to B. subtilis SpoIIJ protein
SeqID n° 238	LM-1225.2	From 884170	to 885270	Unknown, similar to excinuclease ABC, chain C (UvrC)
SeqID n° 239	LM-1228.1	From 882962	to 884065	Unknown, similar to B. subtilis YxjH and YxjG proteins

SeqID n° 240	LM-123.1	From 1236836	to 1237822	unknown, similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (autolysin)
SeqID n° 241	LM-1230.1	From 882328	to 882705	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 242	LM-1231.1	From 881992	to 882249	unknown, similar to B. subtilis protein YsdA
SeqID n° 243	LM-1239.1	From 872616	to 875258	unknown, similar to cation (calcium) transporting ATPase
SeqID n° 244	LM-1241.1	From 871940	to 872410	Unknown
SeqID n° 245	LM-1242.1	From 870587	to 871807	unknown, similar to Tetracycline resistance protein
SeqID n° 246	LM-1243.1	From 869095	to 870480	unknown, highly similar to hexose phosphate transport protein
SeqID n° 247	LM-1245.1	From 867163	to 868800	Unknown, ABC transporter (ATP binding protein)
SeqID n° 248	LM-1246.1	From 866577	to 866990	unknown, similar to B. subtilis YrkR protein
SeqID n° 249	LM-1249.1	From 864791	to 865537	unknown
SeqID n° 250	LM-125.1	From 1235670	to 1236539	unknown, similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (autolysin)
SeqID n° 251	LM-1250.1	From 863798	to 864688	Unknown; similar to transcriptional regulator
SeqID n° 252	LM-1251.1	From 863322	to 863606	unknown, similar to transposase
SeqID n° 253	LM-1254.1	From 861731	to 862642	unknown
SeqID n° 254	LM-1255.1	From 859656	to 861617	unknown, highly similar to fructose-1,6-bisphosphatase
SeqID n° 255	LM-1257.1	From 855759	to 859406	unknown, highly similar to pyruvate-flavodoxin oxidoreductase
SeqID n° 256	LM-1258.1	From 854745	to 855581	unknown, similar to transposases
SeqID n° 257	LM-1259.1	From 854443	to 854748	unknown, similar to transposases
SeqID n° 258	LM-1261.1	From 852704	to 854338	Unknown, similar to transport protein
SeqID n° 259	LM-1262.1	From 851225	to 852505	unknown, similar to 3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase
SeqID n° 260	LM-1263.1	From 850216	to 851184	unknown
SeqID n° 261	LM-1265.1	From 849314	to 850138	unknown, similar to oxydoreductases
SeqID n° 262	LM-1266.1	From 848804	to 849193	unknown, similar to transcriptional regulators
SeqID n° 263	LM-1267.1	From 848126	to 848788	unknown



SeqID n° 264	LM-1268.1	From 847552	to 848109	unknown, some similarity to acetyltransferases
SeqID n° 265	LM-1269.1	From 846594	to 847442	unknown
SeqID n° 266	LM-1271.2	From 843949	to 846579	unknown, similar to cation transporting ATPase
SeqID n° 267	LM-1273.1	From 939106	to 939819	Unknown, similar to transcription regulator (GntR family)
SeqID n° 268	LM-1275.2	From 937739	to 939025	unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific IIC component
SeqID n° 269	LM-1277.2	From 937202	to 937594	Unknown
SeqID n° 270	LM-1278.1	From 936136	to 936603	unknown, similar to B. subtilis YdcK protein
SeqID n° 271	LM-128.1	From 1233904	to 1234434	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 272	LM-1283.1	From 933959	to 936136	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 273	LM-1285.1	From 932257	to 933882	unknown, similar to transport proteins
SeqID n° 274	LM-1286.1	From 931451	to 932050	Indirect negative regulation of sigma B dependant gene expression (serine phosphatase)
SeqID n° 275	LM-1287.1	From 930671	to 931450	RNA polymerase sigma-37 factor (sigma-B)
SeqID n° 276	LM-1288.1	From 930220	to 930693	sigma-B activity negative regulator RsbW
SeqID n° 277	LM-1289.1	From 929892	to 930236	anti-anti-sigma factor (antagonist of RsbW)
SeqID n° 278	LM-129.1	From 1233366	to 1233815	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 279	LM-1290.1	From 928738	to 929742	unknown, highly similar to serine phosphatase RsbU
SeqID n° 280	LM-1291.1	From 928311	to 928721	unknown, highly similar to positive regulation of sigma-B activity
SeqID n° 281	LM-1293.1	From 927952	to 928308	unknown, highly similar to negative regulation of sigma-B activity
SeqID n° 282	LM-1294.1	From 927110	to 927946	unknown, highly similar to positive regulator of sigma-B activity
SeqID n° 283	LM-1295.1	From 926511	to 926858	Unknown, similar to B. subtilis YdcE protein
SeqID n° 284	LM-1296.1	From 926229	to 926507	Unknown, similar to B. subtilis YdcD protein
SeqID n° 285	LM-1297.1	From 924917	to 926023	Unknown, similar to alanine racemase
SeqID n° 286	LM-1298.1	From 924542	to 924898	Unknown, similar to holo-acyl-carrier protein synthase

SeqID n° 287	LM-13.1	From 2719735	to 2720484	Unknown, similar to creatinine amidohydrolase
SeqID n° 288	LM-130.1	From 1232884	to 1233351	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 289	LM-1300.1	From 923161	to 924540	unknown, similar to protoporphyrinogen IX and coproporphyrinogen III oxidase (HemY)
SeqID n° 290	LM-1302.1	From 921537	to 923012	Unknown, similar to B. subtilis YbtB protein
SeqID n° 291	LM-1303.1	From 921062	to 921544	unknown, similar to B. subtilis YdbS protein
SeqID n° 292	LM-1304.1	From 920452	to 920928	unknown
SeqID n° 293	LM-1306.1	From 918135	to 918902	unknown
SeqID n° 294	LM-1307.1	From 917164	to 918117	unknown, similar to oxidoreductases
SeqID n° 295	LM-1309.1	From 916436	to 917164	unknown, similar to B. subtilis NagB protein (glucosamine-6-phosphate isomerase)
SeqID n° 296	LM-131.1	From 1232272	to 1232838	unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 297	LM-1312.1	From 915090	to 916415	unknown, similar to PTS system, Lichenan-specific enzyme IIC component
SeqID n° 298	LM-1313.1	From 914735	to 915070	unknown, similar to PTS system, beta-glucoside enzyme IIB component
SeqID n° 299	LM-1314.1	From 914405	to 914734	Unknown, similar to PTS system enzyme IIA component
SeqID n° 300	LM-1316.1	From 912372	to 914390	Unknown; Similar to transcriptional regulator (antiterminator)
SeqID n° 301	LM-1317.1	From 910998	to 912164	Unknown; similar to antibiotic resistance protein
SeqID n° 302	LM-1318.1	From 910517	to 910870	Unknown, similar to B. subtilis YtcD protein
SeqID n° 303	LM-1319.1	From 910173	to 910484	unknown
SeqID n° 304	LM-1320.1	From 909159	to 910157	unknown
SeqID n° 305	LM-1321.1	From 908499	to 909056	unknown
SeqID n° 306	LM-1322.1	From 907979	to 908467	unknown
SeqID n° 307	LM-1325.1	From 905962	to 907524	Unknown, similar to ATP-dependent RNA helicase
SeqID n° 308	LM-1326.1	From 903837	to 905510	Unknown, similar to phosphomannomutase
SeqID n° 309	LM-1327.1	From 902773	to 903840	unknown
SeqID n° 310	LM-1328.1	From 901837	to 902751	unknown
SeqID n° 311	LM-1329.1	From 900303	to 901835	unknown, similar to oligo-1,6-glucosidase

SeqID n° 312	LM-1331.1	From 899454	to 900287	unknown, similar to sugar ABC transporter, permease protein -
SeqID n° 313	LM-1332.1	From 898589	to 899467	unknown, similar to sugar ABC transporter, permease protein
SeqID n° 314	LM-1333.3	From 897273	to 898592	Unknown, similar to putative sugar ABC transporter, periplasmic sugar-binding protein,
SeqID n° 315	LM-1335.3	From 1104048	to 1104851	unknown, highly similar to teichoic acid translocation permease protein TagG
SeqID n° 316	LM-1337.2	From 1102858	to 1103757	unknown, similar to metal binding protein
SeqID n° 317	LM-1338.1	From 1099266	to 1102706	unknown, highly similar to pyruvate carboxylase
SeqID n° 318	LM-1339.1	From 1097786	to 1098988	unknown, similar to cell-division protein RodA and FtsW
SeqID n° 319	LM-1341.1	From 1097322	to 1097603	unknown, similar to B. subtilis YlaN protein
SeqID n° 320	LM-1342.1	From 1096874	to 1097116	unknown, similar to B. subtilis YlaI protein
SeqID n° 321	LM-1343.2	From 1095975	to 1096835	unknown
SeqID n° 322	LM-1349.1	From 1093965	to 1095803	unknown, similar to GTP-binding protein TypA/BipA (tyrosine phosphorylated protein A) from E. coli and B. subtilis (YlaG)
SeqID n° 323	LM-1351.1	From 1093000	to 1093773	unknown, similar to extragenic suppressor protein SuhB and to myo-inositol-1(or 4)-monophosphatase
SeqID n° 324	LM-1352.1	From 1092255	to 1092869	unknown, similar to B. subtilis YktB protein
SeqID n° 325	LM-1353.1	From 1091110	to 1092054	unknown, similar to membrane and transport proteins
SeqID n° 326	LM-1354.1	From 1090375	to 1091043	unknown, similar to ABC transporter (permease)
SeqID n° 327	LM-1357.1	From 1088941	to 1090362	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 328	LM-1358.1	From 1087409	to 1088854	unknown, similar to sensor protein histidine kinases (2 components regulatory systems)
SeqID n° 329	LM-1359.1	From 1086772	to 1087434	unknown, similar to transcription response regulator
SeqID n° 330	LM-1360.1	From 1086100	to 1086630	unknown

SeqID n° 331	LM-1361.1	From 1085806	to 1086078	unknown, similar to B. subtilis YktA protein
SeqID n° 332	LM-1363.1	From 1084853	to 1085806	unknown, similar to L-lactate dehydrogenase
SeqID n° 333	LM-1364.1	From 1084413	to 1084724	unknown
SeqID n° 334	LM-1367.1	From 1082822	to 1084225	unknown, highly similar to dihydrolipoamide dehydrogenase, E3 subunit of pyruvate dehydrogenase complex
SeqID n° 335	LM-1368.1	From 1081183	to 1082817	unknown, highly similar to pyruvate dehydrogenase (dihydrolipoamide acetyltransferase E2 subunit)
SeqID n° 336	LM-1369.1	From 1080095	to 1081072	unknown, highly similar to pyruvate dehydrogenase (E1 beta subunit)
SeqID n° 337	LM-1370.1	From 1078977	to 1080092	unknown, highly similar to pyruvate dehydrogenase (E1 alpha subunit)
SeqID n° 338	LM-1371.1	From 1077592	to 1078143	unknown, similar to formylmethionine deformylase and to B. subtilis YkrB protein
SeqID n° 339	LM-1372.1	From 1076989	to 1077543	unknown, similar to B. subtilis YdfE protein
SeqID n° 340	LM-1373.1	From 1075860	to 1076858	Unknown, similar to molybdopterin biosynthesis protein MoeB
SeqID n° 341	LM-1374.1	From 1075360	to 1075848	unknown, similar to molybdenum cofactor biosynthesis protein B
SeqID n° 342	LM-1376.1	From 1074324	to 1075325	unknown, similar to molybdenum cofactor biosynthesis protein A
SeqID n° 343	LM-1377.1	From 1073813	to 1074295	unknown, similar to molybdenum cofactor biosynthesis protein C
SeqID n° 344	LM-1379.1	From 1073552	to 1073800	unknown, similar to molybdopterin converting factor (subunit 1).
SeqID n° 345	LM-1380.1	From 1073146	to 1073568	Unknown, similar to molybdopterin converting factor, subunit 2
SeqID n° 346	LM-1381.1	From 1072664	to 1073149	unknown, similar to molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis MobB
SeqID n° 347	LM-1383.1	From 1071462	to 1072685	unknown, similar to molybdopterin biosynthesis protein moeA

SeqID n° 348	LM-1385.1	From 1070597	to 1071367	unknown, similar to molybdate binding protein
SeqID n° 349	LM-1386.1	From 1069821	to 1070492	Unknown, similar to molybdenum transport protein
SeqID n° 350	LM-1387.1	From 1069156	to 1069818	unknown, similar to ABC transporter
SeqID n° 351	LM-1388.1	From 1068594	to 1069175	unknown, weakly similar to molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein A
SeqID n° 352	LM-1389.1	From 1067723	to 1068526	unknown, highly similar to B. subtilis YoaT protein
SeqID n° 353	LM-1390.1	From 1066397	to 1067662	unknown
SeqID n° 354	LM-1391.1	From 1064521	to 1066377	unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIABC
SeqID n° 355	LM-1392.1	From 1063061	to 1064524	unknown, similar to glycerol kinase
SeqID n° 356	LM-1394.1	From 1062108	to 1063064	unknown, similar to transketolase
SeqID n° 357	LM-1396.1	From 1061291	to 1062115	unknown, similar to transketolase
SeqID n° 358	LM-1398.3	From 1059872	to 1061275	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 359	LM-1401.1	From 235524	to 237020	lysyl-tRNA synthetase
SeqID n° 360	LM-1402.1	From 234414	to 235409	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 361	LM-1404.1	From 233858	to 234337	unknown, similar to 7,8-dihydro-6-hydroxymethylpterin pyrophosphokinase
SeqID n° 362	LM-1405.1	From 233491	to 233865	unknown, highly similar to dihydroneopterin aldolase
SeqID n° 363	LM-1407.1	From 232662	to 233477	unknown, highly similar to dihydropteroate synthases
SeqID n° 364	LM-1408.1	From 230840	to 231766	unknown, highly similar to cysteine synthase
SeqID n° 365	LM-1410.1	From 229840	to 230724	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 366	LM-1411.1	From 229045	to 229824	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 367	LM-1413.1	From 226854	to 228929	unknown, highly similar to cell division protein ftsH
SeqID n° 368	LM-1415.1	From 224562	to 226508	Unknown, fusion protein, N-terminal part similar to B. subtilis YacA protein, C-terminal part similar to hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase

SeqID n° 369	LM-1418.1	From 224027	to 224455	Unknown, polyribonucleotide nucleotidyltransferase domain present
SeqID n° 370	LM-1420.1	From 223490	to 223876	unknown, similar to B. subtilis DivIC protein
SeqID n° 371	LM-1426.1	From 221370	to 222959	Unknown, conserved membrane-spanning protein
SeqID n° 372	LM-1429.1	From 217800	to 221339	transcription-repair coupling factor
SeqID n° 373	LM-1430.1	From 217125	to 217685	Unknown, similar to peptidyl-tRNA hydrolase
SeqID n° 374	LM-1432.1	From 216434	to 217018	Unknown
SeqID n° 375	LM-1433.2	From 215721	to 216344	Unknown, similar to B. subtilis general stress protein
SeqID n° 376	LM-1434.2	From 214486	to 215427	Unknown, similar to L- lactate dehydrogenase
SeqID n° 377	LM-1435.1	From 213735	to 214409	Unknown
SeqID n° 378	LM-1436.1	From 213336	to 213668	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 379	LM-1437.1	From 212824	to 213285	Unknown, hypothetical lipoprotein
SeqID n° 380	LM-1438.1	From 212366	to 212689	Unknown
SeqID n° 381	LM-1439.1	From 211425	to 212294	phospholipase C
SeqID n° 382	LM-1442.1	From 209470	to 211389	actin-assembly inducing protein precursor
SeqID n° 383	LM-1444.1	From 207739	to 209271	Zinc metalloproteinase precursor
SeqID n° 384	LM-1445.1	From 205819	to 207408	listeriolysin O precursor
SeqID n° 385	LM-1446.1	From 204624	to 205577	phosphatidylinositol- specific phospholipase c
SeqID n° 386	LM-1447.1	From 203640	to 204353	listeriolysin positive regulatory protein
SeqID n° 387	LM-1448.1	From 202641	to 203597	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase
SeqID n° 388	LM-1449.3	From 201217	to 202590	unknown, highly similar to UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase
SeqID n° 389	LM-1451.1	From 1891236	to 1891880	Unknown, weakly similar to thiamin pyrophosphokinase
SeqID n° 390	LM-1453.1	From 1891944	to 1892600	Unknown, similar to ribulose-5-phosphate 3- epimerase
SeqID n° 391	LM-1454.1	From 1892603	to 1893478	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 392	LM-1457.1	From 1893497	to 1895464	Unknown, similar to putative serine/threonine- specific protein kinase
SeqID n° 393	LM-1458.1	From 1895461	to 1896219	Unknown, similar to putative phosphoprotein

					phosphatase
SeqID n° 394	LM-1459.1	From 1896242	to 1897576	Unknown, similar to RNA-binding Sun protein	
SeqID n° 395	LM-1461.1	From 1897577	to 1898515	Unknown, similar to methionyl-tRNA formyltransferase	
SeqID n° 396	LM-1463.1	From 1898529	to 1900922	unknown, similar to primosomal replication factor Y	
SeqID n° 397	LM-1465.1	From 1900927	to 1902126	unknown, similar to pantothenate metabolism flavoprotein homolog	
SeqID n° 398	LM-1466.2	From 1902484	to 1903101	unknown, similar to guanylate kinases	
SeqID n° 399	LM-1467.2	From 1903120	to 1903995	unknown, similar to conserved hypothetical protein	
SeqID n° 400	LM-1468.1	From 1904152	to 1905864	unknown, similar to fibronectin binding proteins	
SeqID n° 401	LM-1469.1	From 1905952	to 1906551	unknown, similar to conserved hypothetical proteins	
SeqID n° 402	LM-1470.1	From 1906592	to 1907221	unknown, highly similar to orotate phosphoribosyltransferases	
SeqID n° 403	LM-1471.1	From 1907218	to 1907919	unknown, highly similar to orotidine 5 -phosphate decarboxylases	
SeqID n° 404	LM-1472.1	From 1907916	to 1908830	unknown, highly similar to dihydroorotate dehydrogenase	
SeqID n° 405	LM-1473.1	From 1908827	to 1909591	unknown, highly similar to dihydroorotate dehydrogenase (electron transfer subunit)	
SeqID n° 406	LM-1474.1	From 1909614	to 1912826	unknown, highly similar to carbamoyl-phosphate synthetase (catalytic subunit)	
SeqID n° 407	LM-1476.1	From 1912819	to 1913910	unknown, highly similar to carbamoyl-phosphate synthetase (glutaminase subunit)	
SeqID n° 408	LM-1477.1	From 1913907	to 1915187	unknown, highly similar to dihydroorotate	
SeqID n° 409	LM-1478.1	From 1915175	to 1916086	unknown, highly similar to aspartate carbamoyltransferase	
SeqID n° 410	LM-1480.1	From 1916166	to 1917452	unknown, highly similar to uracil permease	

SeqID n° 411	LM-1481.2	From 1917581	to 1918132	unknown, highly similar to pyrimidine operon regulatory protein
SeqID n° 412	LM-1482.2	From 1918363	to 1918593	unknown
SeqID n° 413	LM-1483.2	From 645397	to 645858	Unknown, similar to transcription regulator MarR family
SeqID n° 414	LM-1484.1	From 645878	to 647590	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 415	LM-1486.1	From 647587	to 649404	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 416	LM-1487.1	From 649520	to 649819	Unknown, similar to E. coli phage shock protein E
SeqID n° 417	LM-1491.1	From 651794	to 652420	Unknown, similar to acyl-carrier protein phosphodiesterase and NAD(P)H dehydrogenase
SeqID n° 418	LM-1492.1	From 652589	to 653044	Unknown, similar to transcription regulator MarR family
SeqID n° 419	LM-1493.1	From 653041	to 653982	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 420	LM-1494.1	From 654078	to 654611	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 421	LM-1495.1	From 654608	to 654850	Unknown
SeqID n° 422	LM-1498.1	From 654957	to 656708	Unknown, C-terminal domain similar to glycerophosphoryl diester phosphodiesterase
SeqID n° 423	LM-1499.1	From 656749	to 657243	Unknown
SeqID n° 424	LM-15.1	From 2720497	to 2721489	Unknown, similar to Phosphotriesterase
SeqID n° 425	LM-1500.1	From 657323	to 658465	Unknown, similar to protein kinase
SeqID n° 426	LM-1501.1	From 658572	to 659027	Unknown
SeqID n° 427	LM-1502.1	From 659083	to 659475	Unknown
SeqID n° 428	LM-1504.1	From 659572	to 660312	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 429	LM-1506.1	From 660398	to 660676	Unknown, hypothetical
SeqID n° 430	LM-1507.1	From 660692	to 660958	Unknown
SeqID n° 431	LM-1508.1	From 660996	to 661439	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 432	LM-1510.3	From 661470	to 662171	Unknown
SeqID n° 433	LM-1511.3	From 662257	to 663936	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 434	LM-1516.1	From 669423	to 669950	Unknown
SeqID n° 435	LM-1518.1	From 670309	to 672339	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family



SeqID n° 436	LM-1519.1	From 672341	to 672793	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIA component
SeqID n° 437	LM-1520.1	From 672794	to 673855	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIC component
SeqID n° 438	LM-1521.1	From 673870	to 674178	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIB component
SeqID n° 439	LM-1523.1	From 674205	to 675473	Unknown, similar to an E. coli putative tagatose 6-phosphate kinase
SeqID n° 440	LM-1524.1	From 675563	to 676267	Unknown
SeqID n° 441	LM-1525.1	From 676372	to 676788	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 442	LM-1527.1	From 676802	to 677395	Unknown, weakly similar to methyltransferase
SeqID n° 443	LM-1528.1	From 678494	to 679123	Unknown
SeqID n° 444	LM-1529.1	From 679763	to 680296	Unknown, similar to a transcription regulator (surface protein PAg negative regulator par)
SeqID n° 445	LM-153.1	From 1216820	to 1218178	Unknown, similar to cobyrinic acid a,c-diamide synthase
SeqID n° 446	LM-1530.1	From 680360	to 681277	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 447	LM-1532.1	From 681543	to 683423	Unknown, similar to heavy metal-transporting ATPase
SeqID n° 448	LM-1533.1	From 683519	to 684247	Unknown
SeqID n° 449	LM-1535.1	From 684390	to 685040	Unknown, similar to putative transaldolase
SeqID n° 450	LM-1536.3	From 685083	to 686903	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 451	LM-1537.2	From 468169	to 469437	Unknown, weakly similar to a module of peptide synthetase
SeqID n° 452	LM-1538.1	From 467519	to 468136	unknown
SeqID n° 453	LM-154.1	From 1215993	to 1216487	unknown
SeqID n° 454	LM-1540.1	From 466517	to 467362	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 455	LM-1541.1	From 465934	to 466419	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 456	LM-1545.1	From 459681	to 465722	Unknown, putative peptidoglycan linked protein (LPXTG motif)
SeqID n° 457	LM-1547.1	From 457021	to 458913	Internalin B
SeqID n° 458	LM-1549.1	From 454534	to 456936	Internalin A
SeqID n° 459	LM-155.1	From 1215128	to 1215679	Unknown, similar to transcriptional regulator

SeqID n° 460	LM-1551.1	From 453107	to 453853	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 461	LM-1553.1	From 452524	to 453093	Unknown, similar to acetyltransferase
SeqID n° 462	LM-1554.1	From 451531	to 452406	Unknown, similar to transcriptional regulator (LysR family)
SeqID n° 463	LM-1557.1	From 448926	to 451508	Unknown, similar to sugar hydrolase
SeqID n° 464	LM-1558.1	From 447804	to 448910	Unknown, similar to PTS fructose-specific enzyme IIC component
SeqID n° 465	LM-156.1	From 1213636	to 1215087	unknown
SeqID n° 466	LM-1560.1	From 447471	to 447791	Unknown, similar to PTS fructose-specific enzyme IIB component
SeqID n° 467	LM-1561.1	From 447010	to 447474	Unknown, similar to PTS fructose-specific enzyme IIA component
SeqID n° 468	LM-1564.1	From 445049	to 447010	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family
SeqID n° 469	LM-1566.1	From 444031	to 444888	Unknown, similar to Staphylococcus xylosus glucose uptake protein
SeqID n° 470	LM-1568.1	From 443303	to 443851	Unknown, similar to RNA polymerase ECF-type sigma factor
SeqID n° 471	LM-1569.1	From 442869	to 443300	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 472	LM-157.1	From 1212983	to 1213426	similar to ethanolamine utilization protein EutQ
SeqID n° 473	LM-1570.1	From 441622	to 442872	Unknown, similar to rod shape-determining protein RodA
SeqID n° 474	LM-1571.1	From 440758	to 441570	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 475	LM-1572.1	From 440056	to 440610	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 476	LM-1573.1	From 439677	to 439976	Unknown
SeqID n° 477	LM-1574.1	From 439214	to 439624	Unknown
SeqID n° 478	LM-1575.2	From 437482	to 438882	Unknown, similar to endo-1,4-beta-xylanase
SeqID n° 479	LM-1577.4	From 436379	to 437188	Unknown, conserved membrane protein
SeqID n° 480	LM-1578.2	From 977051	to 978856	unknown, similar to heat shock protein HtpG
SeqID n° 481	LM-1579.1	From 976065	to 977039	Unknown
SeqID n° 482	LM-158.1	From 1211869	to 1212990	Unknown, similar to ethanolamine utilization protein EutH - Escherichia coli

SeqID n° 483	LM-1580.1	From 975071	to 976033	Unknown
SeqID n° 484	LM-1581.1	From 974229	to 974975	Unknown
SeqID n° 485	LM-1582.1	From 973758	to 974216	unknown, similar to protein-tyrosine-phosphatase
SeqID n° 486	LM-1583.1	From 972719	to 973459	unknown, similar to Nitroflavin-reductase
SeqID n° 487	LM-1584.1	From 972197	to 972706	Unknown, similar to B. subtilis CspR protein, rRNA methylase homolog
SeqID n° 488	LM-1585.1	From 971037	to 972176	unknown, similar to B. subtilis YhbA protein
SeqID n° 489	LM-1586.1	From 969549	to 970496	unknown, similar to B. subtilis YkcC protein
SeqID n° 490	LM-1587.1	From 968819	to 969424	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 491	LM-1589.1	From 967784	to 968779	unknown, similar to lipote protein ligase A
SeqID n° 492	LM-159.1	From 1211308	to 1211853	Unknown, similar to Salmonella enterica PduT protein
SeqID n° 493	LM-1590.1	From 967029	to 967760	unknown, conserved hypothetical protein, similar to B. subtilis Yhfl protein
SeqID n° 494	LM-1592.1	From 966245	to 966913	unknown, similar to sortase
SeqID n° 495	LM-1593.1	From 965513	to 966136	unknown, similar to 3-methyladenine DNA glycosylase
SeqID n° 496	LM-1594.1	From 963294	to 965255	unknown, hypothetical transmembrane protein
SeqID n° 497	LM-1596.1	From 962607	to 963263	unknown, similar to transcription regulator (TetR/AcrR family)
SeqID n° 498	LM-1597.1	From 961469	to 962584	unknown, putative membrane protein
SeqID n° 499	LM-16.1	From 2721559	to 2722857	Unknown, similar to membrane proteins
SeqID n° 500	LM-160.1	From 1211046	to 1211315	Unknown, similar to carbon dioxide concentrating mechanism protein
SeqID n° 501	LM-1600.1	From 960748	to 961221	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein (N-terminal part)
SeqID n° 502	LM-1602.1	From 959711	to 960631	unknown, similar to pantothenate kinase
SeqID n° 503	LM-1603.1	From 958783	to 959622	unknown, similar to B. subtilis YcgQ protein
SeqID n° 504	LM-1605.1	From 957724	to 958764	unknown, similar to B. subtilis YcgR protein

SeqID n° 505	LM-1606.1	From 956031	to 957602	unknown, similar to ABC transporter ATP-binding protein (antibiotic resistance)
SeqID n° 506	LM-1607.1	From 953842	to 955740	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family
SeqID n° 507	LM-1608.1	From 952318	to 953769	Unknown, similar to beta-glucosidase
SeqID n° 508	LM-1609.1	From 951956	to 952306	Unknown, similar to phosphotransferase system enzyme IIA
SeqID n° 509	LM-161.1	From 1210459	to 1211031	unknown
SeqID n° 510	LM-1610.1	From 950673	to 951941	Unknown, similar to phosphotransferase system enzyme IIC
SeqID n° 511	LM-1611.1	From 950363	to 950668	Unknown, similar to PTS system, IIB component
SeqID n° 512	LM-1613.1	From 948754	to 950220	Unknown, similar to succinate semialdehyde dehydrogenase
SeqID n° 513	LM-1614.1	From 947718	to 948530	unknown, similar to transporters (formate)
SeqID n° 514	LM-1615.1	From 947101	to 947604	Unknown
SeqID n° 515	LM-1617.1	From 945915	to 947018	Unknown
SeqID n° 516	LM-1618.1	From 945520	to 945912	Unknown, similar to transcription regulator, GntR family
SeqID n° 517	LM-1619.1	From 944243	to 945379	unknown, similar to membrane proteins
SeqID n° 518	LM-162.1	From 1209821	to 1210462	Unknown, similar to Salmonella enterica PduL protein
SeqID n° 519	LM-1620.1	From 943526	to 944200	unknown, similar to phosphoglycerate mutase
SeqID n° 520	LM-1622.1	From 942148	to 943497	Unknown, similar to glutathione Reductase
SeqID n° 521	LM-1623.1	From 941615	to 942112	unknown
SeqID n° 522	LM-1624.2	From 940810	to 941484	Unknown
SeqID n° 523	LM-1625.2	From 469575	to 470078	Unknown
SeqID n° 524	LM-1626.1	From 470122	to 472158	Unknown, similar to penicillin-binding protein (D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase)
SeqID n° 525	LM-1627.1	From 472330	to 472644	Unknown
SeqID n° 526	LM-1629.1	From 472781	to 473710	Unknown, similar to B. subtilis transcription regulator LytR
SeqID n° 527	LM-163.1	From 1209053	to 1209808	unknown, similar to cobalamin adenosyl transferase

SeqID n° 528	LM-1631.1	From 473936	to 476716	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 529	LM-1632.1	From 476960	to 478447	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 530	LM-1634.1	From 478721	to 479710	Unknown, similar to penicillin acylase and to conjugated bile acid hydrolase
SeqID n° 531	LM-1635.1	From 479765	to 481153	Unknown, similar to glutamate decarboxylase
SeqID n° 532	LM-1636.1	From 481250	to 482701	Unknown, similar to amino acid antiporter
SeqID n° 533	LM-1637.1	From 483166	to 483891	Unknown
SeqID n° 534	LM-1638.1	From 483934	to 484599	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 535	LM-1639.1	From 484620	to 485375	Unknown
SeqID n° 536	LM-164.1	From 1208603	to 1208887	unknown, similar to putative carboxysome structural protein
SeqID n° 537	LM-1644.1	From 485493	to 487652	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 538	LM-1645.1	From 487649	to 488797	Unknown, conserved hypothetical proteins
SeqID n° 539	LM-1646.1	From 488802	to 489749	Unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YeaC
SeqID n° 540	LM-1647.1	From 489905	to 491500	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 541	LM-1650.1	From 491634	to 492917	Unknown, similar to permeases
SeqID n° 542	LM-1652.1	From 492918	to 494018	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 543	LM-1653.1	From 494011	to 495561	Unknown, similar to hydantoinase
SeqID n° 544	LM-1655.1	From 496381	to 497919	Unknown, similar to transcription regulator (VirR from Streptococcus pyogenes)
SeqID n° 545	LM-1656.1	From 498171	to 500240	Unknown, putative membrane associated lipoprotein
SeqID n° 546	LM-1658.1	From 500306	to 500779	Unknown
SeqID n° 547	LM-1659.3	From 500799	to 501284	Unknown
SeqID n° 548	LM-166.1	From 1207111	to 1208571	unknown, similar to acetaldehyde dehydrogenase / alcohol dehydrogenase
SeqID n° 549	LM-1661.4	From 2632907	to 2633761	Unknown, similar to fructose-1,6-bisphosphate aldolase

SeqID n° 550	LM-1662.2	From 2631303	to 2632586	Unknwon, weakly similar to human N-acetylglucosaminyl-phosphatidylinositol biosynthetic protein
SeqID n° 551	LM-1663.1	From 2630285	to 2631310	Unknown, similar to galactosyltransferase
SeqID n° 552	LM-1664.1	From 2629208	to 2630278	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 553	LM-1665.1	From 2627816	to 2629087	unknown, highly similar to UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
SeqID n° 554	LM-1666.2	From 2626442	to 2627713	unknown, highly similar to transcription terminator factor rho
SeqID n° 555	LM-1668.2	From 2625414	to 2626361	Unknwon, similar to glycosyl transferases
SeqID n° 556	LM-1669.1	From 2624980	to 2625417	wall teichoic acid glycosylation protein GtcA
SeqID n° 557	LM-167.1	From 1206590	to 1207111	Unknown, similar to putative carboxysome structural protein
SeqID n° 558	LM-1671.1	From 2623125	to 2624411	unknown, highly similar to homoserine dehydrogenase
SeqID n° 559	LM-1674.1	From 2622067	to 2623122	unknown, highly similar to threonine synthase
SeqID n° 560	LM-1676.1	From 2621201	to 2622067	unknown, highly similar to homoserine kinase
SeqID n° 561	LM-1678.1	From 2620514	to 2621089	Unknwon, similar to thymidine kinase
SeqID n° 562	LM-1679.1	From 2619415	to 2620491	unknown, highly similar to peptide chain release factor 1
SeqID n° 563	LM-168.1	From 1205922	to 1206575	Unknown, similar to putative carboxysome structural protein (eutL)
SeqID n° 564	LM-1681.1	From 2618577	to 2619428	Unknown, similar to protoporphyrinogen oxidase
SeqID n° 565	LM-1682.1	From 2617239	to 2618276	Unknown, similar to yeast translation initiation protein
SeqID n° 566	LM-1683.1	From 2616835	to 2617242	Unknown, similar to phosphatases
SeqID n° 567	LM-1684.1	From 2615458	to 2616699	unknown, highly similar to glycine hydroxymethyltransferase
SeqID n° 568	LM-1685.1	From 2614692	to 2615321	unknown, highly similar to uracil phosphoribosyltransferase

SeqID n° 569	LM-1686.1	From 2613435	to 2614574	Unknown, similar to UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase
SeqID n° 570	LM-1691.1	From 2612205	to 2612603	unknown, highly similar to ATP synthase subunit i
SeqID n° 571	LM-1693.1	From 2611482	to 2612198	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain a
SeqID n° 572	LM-1694.1	From 2610592	to 2611104	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain b
SeqID n° 573	LM-1695.1	From 2610056	to 2610595	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain delta
SeqID n° 574	LM-1697.1	From 2608515	to 2610029	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain alpha
SeqID n° 575	LM-1698.1	From 2607605	to 2608477	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain gamma
SeqID n° 576	LM-170.1	From 1205018	to 1205899	Unknown, similar to ethanolamine ammonia-lyase, light chain
SeqID n° 577	LM-1700.1	From 2606123	to 2607544	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain beta
SeqID n° 578	LM-1701.1	From 2605697	to 2606101	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain epsilon
SeqID n° 579	LM-1702.1	From 2605337	to 2605573	Unknown, similar to B. subtilis YwzB protein
SeqID n° 580	LM-1704.1	From 2603863	to 2605155	unknown, UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
SeqID n° 581	LM-1705.2	From 2602705	to 2603700	unknown, similar to MreB-like protein
SeqID n° 582	LM-1706.2	From 521863	to 522591	Unknown
SeqID n° 583	LM-1707.1	From 522628	to 523521	Unknown, similar to transcriptional regulator (LysR family)
SeqID n° 584	LM-1708.1	From 523719	to 525713	Unknown, similar to NADH:flavin oxidoreductase
SeqID n° 585	LM-171.1	From 1203634	to 1204998	Unknown, similar to ethanolamine ammonia-lyase, heavy chain
SeqID n° 586	LM-1710.1	From 525813	to 526688	Unknown, similar to shikimate 5-dehydrogenase
SeqID n° 587	LM-1712.1	From 526754	to 527512	Unknown, similar to 3-dehydroquinone dehydratase

SeqID n° 588	LM-1713.1	From 527580	to 528488	Unknown, similar to transcriptional regulator (LysR family)
SeqID n° 589	LM-1714.1	From 528563	to 530323	Unknown, similar to acylase
SeqID n° 590	LM-1715.1	From 530515	to 531108	Unknown, weakly similar to esterase
SeqID n° 591	LM-1716.1	From 531294	to 532253	Unknown, similar to transmembrane protein
SeqID n° 592	LM-1717.1	From 532328	to 532552	Unknown, similar to B. subtilis YnzC protein
SeqID n° 593	LM-1718.2	From 532603	to 534111	Unknown, similar to sugar transferase
SeqID n° 594	LM-1719.1	From 534307	to 534756	Unknown, similar to ribose 5-phosphate isomerase
SeqID n° 595	LM-1721.1	From 534753	to 535421	Unknown, similar to ribulose-5-phosphate 3 epimerase
SeqID n° 596	LM-1722.1	From 535428	to 536078	Unknown, similar to transaldolase
SeqID n° 597	LM-1723.1	From 536187	to 538247	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family
SeqID n° 598	LM-1724.1	From 538251	to 538853	Unknown, similar to putative sugar-phosphate isomerase
SeqID n° 599	LM-1725.1	From 538881	to 539348	Unknown, similar to PTS fructose-specific enzyme IIA component
SeqID n° 600	LM-1726.1	From 539365	to 539763	unknown
SeqID n° 601	LM-1727.1	From 539774	to 540424	Unknown, similar to ribulose-5-phosphate 3-epimerase
SeqID n° 602	LM-1728.1	From 540421	to 541467	Unknown, similar to polyol (sorbitol) dehydrogenase
SeqID n° 603	LM-1729.1	From 541483	to 541776	Unknown, similar to PTS system, Galactitol-specific IIB component
SeqID n° 604	LM-173.1	From 1202171	to 1203592	Unknown, similar to ethanolamine utilization protein EutA (putative chaperonin)
SeqID n° 605	LM-1731.1	From 541791	to 543062	Unknown, similar to PTS system, Galactitol-specific IIC component
SeqID n° 606	LM-1733.1	From 543202	to 544137	Unknown, similar to phosphoribosyl pyrophosphate synthetase
SeqID n° 607	LM-1734.1	From 544923	to 545501	Unknown
SeqID n° 608	LM-1735.1	From 545609	to 546289	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 609	LM-1736.1	From 546314	to 546673	Unknown



SeqID n° 610	LM-1737.1	From 546680	to 547138	Unknown, weakly similar to transcription regulator
SeqID n° 611	LM-174.1	From 1200625	to 1202082	unknown, similar to sensory transduction histidine kinase
SeqID n° 612	LM-1740.1	From 549438	to 549869	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 613	LM-1741.1	From 549916	to 551346	Unknown, similar to Bacillus anthracis encapsulation protein CapA
SeqID n° 614	LM-1742.2	From 551467	to 552282	Unknown, similar to phosphoglycerate mutase
SeqID n° 615	LM-175.1	From 1200051	to 1200632	unknown, similar to similar to two-component response regulator
SeqID n° 616	LM-1755.2	From 2678302	to 2679330	Unknown, similar to ATP binding proteins
SeqID n° 617	LM-1757.1	From 2681167	to 2682018	Unknown, similar to oxidoreductase, aldo/keto reductase family
SeqID n° 618	LM-1758.1	From 2682040	to 2682462	Unknown, similar to transcription regulators (MerR family)
SeqID n° 619	LM-1759.1	From 2682584	to 2682943	Unknown
SeqID n° 620	LM-176.1	From 1198637	to 1199776	unknown, similar to NADPH-dependent butanol dehydrogenase
SeqID n° 621	LM-1760.1	From 2683187	to 2684056	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 622	LM-1761.1	From 2684251	to 2684643	ribosomal protein S9
SeqID n° 623	LM-1762.1	From 2684665	to 2685102	ribosomal protein L13
SeqID n° 624	LM-1763.1	From 2685297	to 2686043	unknown, highly similar to pseudouridylate synthase I
SeqID n° 625	LM-1766.1	From 2686049	to 2686846	Unknown, highly similar to B. subtilis YbaF protein
SeqID n° 626	LM-1769.1	From 2686849	to 2687715	Unknown similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 627	LM-1771.1	From 2687691	to 2688530	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 628	LM-1772.1	From 2688661	to 2689323	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 629	LM-1773.1	From 2689442	to 2690332	Unknown
SeqID n° 630	LM-1774.1	From 2690371	to 2691465	Unknown
SeqID n° 631	LM-1775.2	From 2691673	to 2692080	ribosomal protein L17
SeqID n° 632	LM-1776.3	From 1441313	to 1441540	Unknown
SeqID n° 633	LM-1777.3	From 1441581	to 1442114	Unknown, modulates DNA topology
SeqID n° 634	LM-1779.1	From 1443873	to 1445042	Unknown, similar to Acetyl-CoA:acetyltransferase

SeqID n° 635	LM-1780.2	From 1445192	to 1446358	Unknown, similar to hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase
SeqID n° 636	LM-1781.2	From 1446383	to 1446982	Unknown
SeqID n° 637	LM-1782.1	From 1447052	to 1448296	Unknown, highly similar to <i>B. subtilis</i> YxiO protein
SeqID n° 638	LM-1783.1	From 1448315	to 1449583	Unknown, weakly similar to pyrophosphatase
SeqID n° 639	LM-1784.1	From 1449647	to 1450684	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 640	LM-1785.1	From 1450701	to 1451597	Unknown, weakly similar to UDP-N-acetylglucosaminyl-3-enolpyruvate reductase
SeqID n° 641	LM-1787.1	From 1451813	to 1452799	Unknown, similar to glycine betaine/carnitine/choline ABC transporter
SeqID n° 642	LM-1789.1	From 1452796	to 1454310	Unknown, similar to glycine betaine/carnitine/choline ABC transporter (membrane protein)
SeqID n° 643	LM-179.1	From 1197172	to 1198047	unknown, similar to <i>Salmonella enterica</i> PduX protein
SeqID n° 644	LM-1790.1	From 1454347	to 1455177	Unknown
SeqID n° 645	LM-1791.2	From 1455316	to 1456662	Unknown, similar to metal ion transport proteins
SeqID n° 646	LM-1794.2	From 1456775	to 1457446	Unknown, similar to betaine/carnitine/choline ABC transporter (membrane p)
SeqID n° 647	LM-1795.1	From 1457461	to 1458387	Unknown, similar to glycine betaine/carnitine/choline ABC transporter (osmoprotectant-binding protein)
SeqID n° 648	LM-1796.1	From 1458389	to 1459045	Unknown, similar to glycine betaine/carnitine/choline ABC transporter (membrane protein)
SeqID n° 649	LM-1798.1	From 1459049	to 1460242	Unknown, similar to glycine betaine/carnitine/choline ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 650	LM-1799.1	From 1460534	to 1461094	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 651	LM-18.1	From 2722884	to 2723156	Unknown, similar to hypothetical PTS enzyme IIB component
SeqID n° 652	LM-1800.2	From 1461343	to 1461726	Unknown, similar to unknown proteins

SeqID n° 653	LM-1801.2	From 1461866	to 1463467	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 654	LM-1802.1	From 1463506	to 1464156	Unknown
SeqID n° 655	LM-1803.1	From 1464209	to 1465549	Unknown, similar to glutathione reductase
SeqID n° 656	LM-1805.1	From 1465638	to 1467305	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 657	LM-1806.1	From 1467325	to 1468206	Unknown, similar to dihydrodipicolinate synthase
SeqID n° 658	LM-1807.1	From 1468221	to 1469432	Unknown, similar to aspartokinase I (alpha and beta subunits)
SeqID n° 659	LM-1809.1	From 1469444	to 1470487	Unknown, similar to aspartate-semialdehyde dehydrogenase
SeqID n° 660	LM-1810.1	From 1470685	to 1472850	unknown, similar to penicillin-binding protein
SeqID n° 661	LM-1811.1	From 1472980	to 1473588	superoxide dismutase
SeqID n° 662	LM-1813.1	From 1473889	to 1474689	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 663	LM-1814.1	From 1474802	to 1475908	Unknown, similar to putative peptidoglycan acetylation protein
SeqID n° 664	LM-1815.1	From 1475944	to 1476651	Unknown, similar to transport proteins
SeqID n° 665	LM-1816.1	From 1476642	to 1476968	Unknown
SeqID n° 666	LM-1817.1	From 1477050	to 1477934	Unknown, similar to protein secretion PrsA (post-translocation molecular chaperone)
SeqID n° 667	LM-1818.1	From 1478071	to 1478496	transcriptional regulator ZurR (ferric uptake regulation)
SeqID n° 668	LM-182.1	From 1194890	to 1196083	Unknown, similar to acetate kinase
SeqID n° 669	LM-1820.1	From 1478477	to 1479355	metal transport protein
SeqID n° 670	LM-1821.1	From 1479330	to 1480103	ABC transporter
SeqID n° 671	LM-1823.1	From 1480246	to 1481172	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 672	LM-1825.1	From 1481188	to 1482081	unknown, similar to endonuclease IV
SeqID n° 673	LM-1826.1	From 1482096	to 1483403	Unknown, similar to ATP-dependent RNA helicase, DEAD-box family (deaD)
SeqID n° 674	LM-1827.1	From 1483549	to 1484544	Unknown, similar to E. coli LytB protein
SeqID n° 675	LM-1829.1	From 1484590	to 1485711	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 676	LM-183.1	From 1194120	to 1194824	Unknown, similar to glycerol uptake facilitator

				protein
SeqID n° 677	LM-1830.1	From 1485708	to 1486412	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 678	LM-1833.2	From 1486480	to 1487604	RNA polymerase sigma factor RpoD
SeqID n° 679	LM-1834.2	From 289562	to 290521	Unknown, similar to other proteins
SeqID n° 680	LM-1835.1	From 289139	to 289555	Unknown, similar to transcriptional regulators
SeqID n° 681	LM-1836.1	From 287853	to 288992	Unknown, similar to succinyldiaminopimelate desuccinylase
SeqID n° 682	LM-1838.1	From 286219	to 287718	internalin E
SeqID n° 683	LM-184.1	From 1192974	to 1194092	unknown, similar to NADPH-dependent butanol dehydrogenase
SeqID n° 684	LM-1840.1	From 284365	to 286011	internalin H
SeqID n° 685	LM-1842.1	From 282755	to 284227	internalin G
SeqID n° 686	LM-1843.1	From 281021	to 282481	Unknown, similar to phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 687	LM-1844.1	From 280410	to 280955	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 688	LM-185.1	From 1191549	to 1192958	Unknown, similar to ethanolamine utilization protein EutE
SeqID n° 689	LM-1852.1	From 276728	to 280333	RNA polymerase (beta subunit)
SeqID n° 690	LM-1854.1	From 273003	to 276557	RNA polymerase (beta subunit)
SeqID n° 691	LM-1856.2	From 271324	to 272502	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 692	LM-1858.1	From 269754	to 270257	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 693	LM-1859.2	From 269067	to 269729	Unknown
SeqID n° 694	LM-1860.2	From 1993372	to 1994637	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 695	LM-1861.1	From 1991047	to 1993326	Unknown, similar to pyruvate formate-lyase
SeqID n° 696	LM-1862.1	From 1989805	to 1990812	Unknown, similar to peptidase
SeqID n° 697	LM-1863.1	From 1988159	to 1989802	Unknown, similar to malolactic enzyme (malate dehydrogenase)
SeqID n° 698	LM-1864.1	From 1987365	to 1988048	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 699	LM-1865.1	From 1986342	to 1987346	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 700	LM-1866.1	From 1985218	to 1986345	Unknown, similar to unknown proteins (hypothetical sensory transduction histidine

kinase)

SeqID n° 701	LM-1867.1	From 1984056	to 1985192	Unknown, similar to unknown proteins (hypothetical sensory transduction histidine kinase)
SeqID n° 702	LM-1869.1	From 1982630	to 1983736	Unknown, similar to oxidoreductases
SeqID n° 703	LM-1871.1	From 1981774	to 1982640	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 704	LM-1872.1	From 1981299	to 1981634	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 705	LM-1874.1	From 1980511	to 1981302	Unknown, similar to dihydrodipicolinate reductase
SeqID n° 706	LM-1875.1	From 1980091	to 1980495	Unknown, similar to methylglyoxal synthase
SeqID n° 707	LM-1876.1	From 1978895	to 1980076	Unknown, similar to tRNA CCA-adding enzyme
SeqID n° 708	LM-1877.1	From 1977928	to 1978905	Unknown, similar to transcriptional regulator and biotin acetyl-CoA-carboxylase synthetase
SeqID n° 709	LM-1879.1	From 1977307	to 1977780	unknown; similar to thioredoxin
SeqID n° 710	LM-188.1	From 1190547	to 1191542	Unknown, highly similar to <i>Salmonella enterica</i> PduO protein
SeqID n° 711	LM-1880.1	From 1976307	to 1977140	unknown, similar to ketopantoate hydroxymethyltransferases
SeqID n° 712	LM-1881.1	From 1975446	to 1976303	unknown, similar to panthotenate synthetases
SeqID n° 713	LM-1882.1	From 1975059	to 1975442	unknown, similar to aspartate 1-decarboxylases
SeqID n° 714	LM-1884.1	From 1972176	to 1974962	unknown, similar to ATP-dependent helicases
SeqID n° 715	LM-1885.1	From 1971547	to 1972131	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 716	LM-1886.1	From 1970343	to 1971524	unknown, similar to aspartate aminotransferases
SeqID n° 717	LM-1888.1	From 1969037	to 1970329	unknown, similar to speraginyI-tRNA synthetases
SeqID n° 718	LM-189.1	From 1190269	to 1190532	Unknown, similar to carbon dioxide concentrating mechanism protein

SeqID n° 719	LM-1891.1	From 1968169	to 1968888	unknown, similar to chromosome replication initiation protein
SeqID n° 720	LM-1893.1	From 1967499	to 1968158	unknown, probable endonuclease III (DNA repair)
SeqID n° 721	LM-1894.1	From 1967015	to 1967506	unknown
SeqID n° 722	LM-1896.1	From 1964489	to 1966972	unknown, similar to penicillin-binding protein 2A
SeqID n° 723	LM-1897.2	From 1963852	to 1964457	unknown, similar to DNA repair and homologous recombination protein
SeqID n° 724	LM-1898.2	From 2208576	to 2210351	Unknown, similar to maltogenic amylase
SeqID n° 725	LM-19.1	From 2723159	to 2723593	Unknown, similar to mannitol-specific PTS enzyme IIA component
SeqID n° 726	LM-190.1	From 1189785	to 1190264	Unknown
SeqID n° 727	LM-1900.1	From 2207103	to 2208362	Unknown, similar to maltose/maltodextrin-binding protein
SeqID n° 728	LM-1904.1	From 2205709	to 2207016	Unknown, similar to maltodextrin transport system permease
SeqID n° 729	LM-1905.1	From 2204857	to 2205708	Unknown, similar to maltodextrin transport system permease
SeqID n° 730	LM-1906.1	From 2203996	to 2204829	Unknown, similar to maltodextrose utilization protein MalA
SeqID n° 731	LM-1907.1	From 2201719	to 2203980	Unknown, similar to maltosephosphorylase
SeqID n° 732	LM-1908.1	From 2200723	to 2201544	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 733	LM-1910.1	From 2199365	to 2200723	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 734	LM-1911.1	From 2197763	to 2199115	Unknown, similar to phosphoglucomutase
SeqID n° 735	LM-1912.1	From 2197267	to 2197728	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 736	LM-1913.1	From 2196382	to 2197206	unknown
SeqID n° 737	LM-1915.1	From 2194399	to 2196339	Unknown, similar to ABC transporter (permease)
SeqID n° 738	LM-1916.1	From 2193645	to 2194412	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 739	LM-1918.2	From 2192693	to 2193448	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 740	LM-1919.2	From 2191525	to 2192256	Unknown, similar to FMN-containing NADPH-linked nitro/flavin reductase

SeqID n° 741	LM-192.1	From 1188949	to 1189788	Unknown, similar to ethanolamine utilization protein EutJ
SeqID n° 742	LM-1920.1	From 2190489	to 2191445	Unknown, similar to mannose-6 phosphate isomerase
SeqID n° 743	LM-1921.1	From 2189605	to 2190402	Unknown, similar to hydrolase
SeqID n° 744	LM-1922.1	From 2188430	to 2189563	Unknown, similar to N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase
SeqID n° 745	LM-1923.1	From 2187663	to 2188424	Unknown, similar to transcriptional regulator (DeoR family)
SeqID n° 746	LM-1924.1	From 2186557	to 2187411	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 747	LM-1927.1	From 2184344	to 2186338	Unknown, similar to ferrous iron transport protein B
SeqID n° 748	LM-1930.1	From 2182823	to 2183800	Unknown, similar to phosphotransacetylase
SeqID n° 749	LM-1932.1	From 2182218	to 2182784	Unknown
SeqID n° 750	LM-1933.2	From 2181329	to 2182216	Unknown, similar to a protein required for pyridoxine synthesis
SeqID n° 751	LM-1935.1	From 1610206	to 1611165	unknown, highly similar to 6-phosphofructokinase
SeqID n° 752	LM-1936.1	From 1611449	to 1612405	unknown, highly similar to acetyl CoA carboxylase (alpha subunit)
SeqID n° 753	LM-1938.1	From 1612395	to 1613279	unknown, highly similar to acetyl-CoA carboxylase beta subunit
SeqID n° 754	LM-1942.1	From 1613497	to 1616823	unknown, highly similar to DNA polymerase III (alpha subunit) DnaE
SeqID n° 755	LM-1944.1	From 1616945	to 1617880	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 756	LM-1945.1	From 1617901	to 1619214	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 757	LM-1946.1	From 1619240	to 1619926	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 758	LM-1947.1	From 1620091	to 1621188	Unknown, similar to X-Pro dipeptidase
SeqID n° 759	LM-1948.1	From 1621230	to 1622342	Unknown, similar to alanine dehydrogenase
SeqID n° 760	LM-1949.1	From 1622583	to 1623047	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 761	LM-195.1	From 1188293	to 1188928	unknown, similar to Salmonella enterica PduL protein
SeqID n° 762	LM-1950.1	From 1623099	to 1624292	unknown, highly similar to acetate kinase

SeqID n° 763	LM-1951.1	From 1624316	to 1625314	Unknown, weakly similar to site specific DNA-methyltransferase
SeqID n° 764	LM-1952.1	From 1625505	to 1626002	Unknown, similar to thiol peroxidases
SeqID n° 765	LM-1953.1	From 1626064	to 1626600	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 766	LM-1954.1	From 1626620	to 1627633	Unknown, similar to proteases
SeqID n° 767	LM-1955.1	From 1627812	to 1628615	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 768	LM-1957.1	From 1628647	to 1629591	unknown, highly similar to ornithine carbamoyltransferase
SeqID n° 769	LM-1958.1	From 1629594	to 1630754	unknown, highly similar to N-acetylornithine aminotransferase
SeqID n° 770	LM-1959.1	From 1630751	to 1631503	unknown, highly similar to N-acetylglutamate 5-phosphotransferase
SeqID n° 771	LM-1960.1	From 1631516	to 1632712	unknown, highly similar to ornithine acetyltransferase and amino-acid acetyltransferases
SeqID n° 772	LM-1961.2	From 1632728	to 1633759	unknown, similar to N-acetylglutamate gamma-semialdehyde dehydrogenases
SeqID n° 773	LM-1962.2	From 1633933	to 1635144	Unknown, similar to thiamin biosynthesis protein ThiI
SeqID n° 774	LM-1964.1	From 1635146	to 1636285	Unknown, similar to iron-sulfur cofactor synthesis protein nifS
SeqID n° 775	LM-1966.2	From 1636412	to 1638127	Unknown, similar to B. subtilis negative regulator of FtsZ ring formation (EzrA)
SeqID n° 776	LM-1968.2	From 1308351	to 1310318	unknown, highly similar to DNA gyrase-like protein (subunit B)
SeqID n° 777	LM-197.1	From 1187552	to 1187989	unknown, similar to Salmonella enterica PduK protein
SeqID n° 778	LM-1970.1	From 1310315	to 1312774	unknown, highly similar to DNA gyrase-like protein (subunit A)
SeqID n° 779	LM-1971.1	From 1312857	to 1313324	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 780	LM-1976.1	From 1317596	to 1319464	unknown; similar to acyltransferase (to B. subtilis YrhL protein)



SeqID n° 781	LM-1978.1	From 1319677	to 1320375	unknown similar to glycerophosphodiester phosphodiesterase
SeqID n° 782	LM-1979.1	From 1320608	to 1322284	Unknown, similar to glycerol 3 phosphate dehydrogenase
SeqID n° 783	LM-198.1	From 1187192	to 1187539	unknown, similar to diol dehydratase-reactivating factor small chain
SeqID n° 784	LM-1980.1	From 1322410	to 1323327	Unknown, similar to tRNA isopentenylpyrophosphate transferase
SeqID n° 785	LM-1981.1	From 1323450	to 1323683	Unknown, similar to host factor-1 protein
SeqID n° 786	LM-1983.1	From 1323794	to 1325017	unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YnbA protein
SeqID n° 787	LM-1984.1	From 1325010	to 1326236	unknown, similar to aluminum resistance protein and to B. subtilis YnbB protein
SeqID n° 788	LM-1985.1	From 1326440	to 1326808	Unknown, similar to glutamine synthetase repressor
SeqID n° 789	LM-1986.1	From 1326879	to 1328213	unknown, highly similar to glutamine synthetases
SeqID n° 790	LM-1988.1	From 1328357	to 1329652	Unknown, similar to arsenic efflux pump protein
SeqID n° 791	LM-1989.1	From 1329696	to 1330217	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 792	LM-1991.2	From 1330247	to 1330861	unknown, highly similar to SOS response regulator lexA, transcription repressor protein
SeqID n° 793	LM-1992.2	From 1331018	to 1331347	unknown, similar to B. subtilis YneA protein
SeqID n° 794	LM-1995.1	From 1331813	to 1333807	unknown, highly similar to transketolase
SeqID n° 795	LM-1996.1	From 1334028	to 1334267	unknown, highly similar to B. subtilis YneF protein
SeqID n° 796	LM-1997.1	From 1334318	to 1335160	unknown
SeqID n° 797	LM-1998.1	From 1335179	to 1335910	unknown, weakly similar to arginine N-methyltransferases
SeqID n° 798	LM-1999.1	From 1335932	to 1336438	unknown, similar to E. coli YbdM protein
SeqID n° 799	LM-200.1	From 1185375	to 1187195	diol dehydratase-reactivating factor large subunit
SeqID n° 800	LM-2000.1	From 1336448	to 1337752	unknown, similar to E. coli YbdN protein
SeqID n° 801	LM-2001.1	From 1337742	to 1338947	unknown

SeqID n° 802	LM-2002.1	From 1338925	to 1339299	Unknown
SeqID n° 803	LM-2003.1	From 1339592	to 1340320	unknown, highly similar to uridylate kinases
SeqID n° 804	LM-2004.1	From 1340320	to 1340877	unknown, highly similar to ribosome recycling factors
SeqID n° 805	LM-2005.2	From 1341107	to 1341865	Unknown, similar to undecaprenyl diphosphate synthase
SeqID n° 806	LM-2006.2	From 290593	to 291228	Unknown, similar to phosphoglycerate mutase
SeqID n° 807	LM-2008.1	From 291312	to 293198	Unknown, similar to transporter
SeqID n° 808	LM-2009.1	From 293212	to 293841	Unknown
SeqID n° 809	LM-201.1	From 1184818	to 1185330	Unknown, similar to diol dehydrase (diol dehydratase) gamma subunit (pddC)
SeqID n° 810	LM-2010.1	From 293845	to 295281	unknown, highly similar to phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 811	LM-2011.1	From 295401	to 296213	Unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YxeH protein
SeqID n° 812	LM-2012.1	From 296349	to 296852	Unknown
SeqID n° 813	LM-2013.1	From 296889	to 297551	Unknown
SeqID n° 814	LM-2014.1	From 297810	to 298652	Unknown, C-terminal part similar to B. subtilis ComEC protein
SeqID n° 815	LM-2015.1	From 298669	to 299490	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 816	LM-2017.1	From 299607	to 300578	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 817	LM-2018.1	From 300617	to 301717	Unknown, similar to sugar ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 818	LM-2019.1	From 302008	to 304140	Unknown, highly similar to anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase
SeqID n° 819	LM-202.1	From 1184142	to 1184801	Unknown, similar to diol dehydrase (diol dehydratase) gamma subunit
SeqID n° 820	LM-2020.1	From 304133	to 304684	Unknown, highly similar to anaerobic ribonucleotide reductase activator protein
SeqID n° 821	LM-2022.1	From 304942	to 305613	Unknown
SeqID n° 822	LM-2023.1	From 305775	to 306554	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 823	LM-2024.1	From 306644	to 307306	Unknown, similar to ABC transporter permease protein

SeqID n° 824	LM-2026.1	From 307303	to 308319	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 825	LM-2027.2	From 308334	to 309155	Unknown, putative lipoprotein
SeqID n° 826	LM-203.1	From 1182440	to 1184104	unknown, highly similar to propanediol dehydratase, alpha subunit
SeqID n° 827	LM-2035.1	From 2671624	to 2672511	Unknwon, similar to transcription regulator TetR/AcrR family
SeqID n° 828	LM-2037.1	From 2670042	to 2671523	Unknwon, similar to drug-export proteins
SeqID n° 829	LM-2038.1	From 2669152	to 2669994	Unknwon, conserved hypothetical proteins
SeqID n° 830	LM-2039.1	From 2665666	to 2668653	Unknwon, similar to formate dehydrogenase alpha chain
SeqID n° 831	LM-204.1	From 1181720	to 1182421	unknown, similar to Salmonella typhimurium PduB protein
SeqID n° 832	LM-2040.1	From 2665190	to 2665666	Unknown, similar to B. subtilis YrhD protein
SeqID n° 833	LM-2042.1	From 2664343	to 2665128	Unknwon, similar to formate dehydrogenase associated protein
SeqID n° 834	LM-2043.1	From 2663619	to 2664296	unknown, similar to two-component response regulator
SeqID n° 835	LM-2044.1	From 2662243	to 2663622	Unknwon, similar to response regulator histidine kinase
SeqID n° 836	LM-2045.1	From 2661076	to 2662164	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 837	LM-2046.1	From 2660408	to 2661076	Unknwon, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 838	LM-2047.1	From 2659852	to 2660145	Unknwon, conserved hypothetical protein
SeqID n° 839	LM-2048.2	From 2658966	to 2659841	Unknwon
SeqID n° 840	LM-2049.3	From 403743	to 404198	Unknown
SeqID n° 841	LM-205.1	From 1181338	to 1181625	unknown, similar to Salmonella typhimurium PduA protein
SeqID n° 842	LM-2050.1	From 403279	to 403725	Unknown
SeqID n° 843	LM-2051.1	From 402641	to 403060	Unknown
SeqID n° 844	LM-2053.1	From 401619	to 402539	Unknown, similar to putative transcription regulator
SeqID n° 845	LM-2054.1	From 400997	to 401299	Unknown, similar to PTS betaglucoside-specific enzyme IIB component

SeqID n° 846	LM-2055.1	From 399645	to 400979	Unknown, similar to PTS betaglucoside-specific enzyme IIC component
SeqID n° 847	LM-2056.1	From 398210	to 399652	Unknown, similar to beta- glucosidase
SeqID n° 848	LM-2058.1	From 397340	to 398053	Unknown, similar to transcription regulator (GntR family)
SeqID n° 849	LM-2059.1	From 396964	to 397299	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 850	LM-2060.1	From 396208	to 396927	Unknown, conserved hypothetical protein, highly similar to <i>B. subtilis</i> YeeI protein
SeqID n° 851	LM-2061.1	From 395602	to 396111	Unknown, similar to different proteins
SeqID n° 852	LM-2063.1	From 394264	to 395529	Unknown, conserved hypothetical protein similar to <i>B. subtilis</i> YwbN protein
SeqID n° 853	LM-2064.1	From 393086	to 394246	Unknown, conserved hypothetical protein, putative lipoprotein
SeqID n° 854	LM-2065.1	From 391604	to 393052	Unknown, similar to conserved hypothetical protein
SeqID n° 855	LM-2066.1	From 390529	to 391473	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 856	LM-2067.1	From 389813	to 390430	Unknown, similar to <i>Salmonella typhimurium</i> peptidase E
SeqID n° 857	LM-2068.1	From 388807	to 389541	Unknown, similar to conserved hypothetical integral membrane protein
SeqID n° 858	LM-2069.1	From 387697	to 388467	Unknown, similar to transcriptional regulator (DeoR family)
SeqID n° 859	LM-2070.1	From 386780	to 387640	Unknown, similar to D- fructose-1,6-biphosphate aldolase
SeqID n° 860	LM-2072.1	From 385386	to 386780	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific enzyme IIBC component
SeqID n° 861	LM-2073.1	From 384926	to 385372	Unknown, similar to PTS system, enzyme IIA component
SeqID n° 862	LM-2074.1	From 383710	to 384726	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 863	LM-2076.1	From 382016	to 383536	Unknown, similar to Flavocytochrome C Fumarate Reductase chain A

SeqID n° 864	LM-2077.1	From 380253	to 381779	Unknown, similar to fatty-acid--CoA ligase
SeqID n° 865	LM-2078.1	From 379794	to 380207	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 866	LM-2080.2	From 378964	to 379728	unknown, highly similar to regulatory proteins (DeoR family)
SeqID n° 867	LM-2082.3	From 2052233	to 2052664	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 868	LM-2083.1	From 2052816	to 2053301	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 869	LM-2084.1	From 2053274	to 2053801	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 870	LM-2088.1	From 2054493	to 2056187	Unknown, similar to dihydroxy-acid dehydratase
SeqID n° 871	LM-2089.1	From 2056205	to 2057926	Unknown, similar to acetolactate synthase (acetohydroxy-acid synthase) (large subunit)
SeqID n° 872	LM-2091.1	From 2057927	to 2058418	Unknown, similar to acetolactate synthase (acetohydroxy-acid synthase) (small subunit)
SeqID n° 873	LM-2092.1	From 2058516	to 2059511	Unknown, similar to ketol-acid reductoisomerase (acetohydroxy-acid isomeroreductase)
SeqID n° 874	LM-2097.1	From 2059669	to 2061207	Unknown, similar to 2-isopropylmalate synthase
SeqID n° 875	LM-2098.1	From 2061209	to 2062261	Unknown, similar to 3-isopropylmalate dehydrogenase
SeqID n° 876	LM-21.1	From 2723786	to 2725852	Unknown, similar to transcriptional antiterminator
SeqID n° 877	LM-2100.1	From 2062263	to 2063651	Unknown, similar to 3-isopropylmalate dehydratase (large subunit)
SeqID n° 878	LM-2101.1	From 2063638	to 2064219	Unknown, similar to 3-isopropylmalate dehydratase (small subunit)
SeqID n° 879	LM-2102.1	From 2064238	to 2065506	Unknown, similar to threonine dehydratase
SeqID n° 880	LM-2104.1	From 2065698	to 2066417	Unknown, similar to alpha-acetolactate decarboxylase
SeqID n° 881	LM-2106.1	From 2066455	to 2067756	Unknown, similar to pyrimidine-nucleoside phosphorylase
SeqID n° 882	LM-2107.3	From 2067887	to 2068897	Unknown, similar to transcription regulators (LacI family)

SeqID n° 883	LM-2109.2	From 1677409	to 1680009	Unknown, similar to Alcohol-acetaldehyde dehydrogenase
SeqID n° 884	LM-2110.1	From 1680132	to 1680560	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 885	LM-2111.1	From 1680644	to 1681564	Unknown, similar to similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 886	LM-2113.1	From 1681561	to 1682628	Unknown, similar to membrane proteins
SeqID n° 887	LM-2114.1	From 1682664	to 1683638	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 888	LM-2115.1	From 1683635	to 1684216	Unknown, similar to dna-3-methyladenine glycosidase
SeqID n° 889	LM-2116.1	From 1684229	to 1684462	Unknown
SeqID n° 890	LM-2119.1	From 1684563	to 1687265	unknown, highly similar to aconitate hydratases
SeqID n° 891	LM-2120.1	From 1687420	to 1688223	Unknown, similar to putative sigma factor regulator
SeqID n° 892	LM-2121.1	From 1688248	to 1688670	Unknown
SeqID n° 893	LM-2123.1	From 1688670	to 1691888	Unknown, similar to SNF2-type helicase
SeqID n° 894	LM-2127.1	From 1691972	to 1695043	Unknown, similar to ATP-dependent dsDNA exonuclease SbcC
SeqID n° 895	LM-2128.1	From 1695040	to 1696164	unknown, similar to putative exonucleases SbcD
SeqID n° 896	LM-2129.1	From 1696280	to 1696888	unknown, similar to 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferases
SeqID n° 897	LM-2130.1	From 1696940	to 1697302	unknown
SeqID n° 898	LM-2131.1	From 1697476	to 1697991	unknown
SeqID n° 899	LM-2133.1	From 1698165	to 1698653	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 900	LM-2134.1	From 1698734	to 1700539	unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 901	LM-2135.2	From 1700523	to 1702292	unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 902	LM-2138.1	From 366508	to 367032	unknown
SeqID n° 903	LM-214.1	From 1177116	to 1177865	unknown
SeqID n° 904	LM-2140.1	From 367533	to 367901	Unknown
SeqID n° 905	LM-2141.1	From 367898	to 369373	Unknown
SeqID n° 906	LM-2142.1	From 369377	to 369757	Unknown
SeqID n° 907	LM-2143.1	From 370032	to 370403	Unknown, weakly similar to inorganic pyrophosphatase
SeqID n° 908	LM-2145.1	From 370732	to 371064	Unknown
SeqID n° 909	LM-2147.1	From 371130	to 373127	Unknown, similar to transketolase

SeqID n° 910	LM-2148.1	From 373129	to 373785	Unknown, similar to transaldolase
SeqID n° 911	LM-215.1	From 1176660	to 1177091	unknown, similar to Salmonella enterica PduV protein
SeqID n° 912	LM-2150.1	From 373832	to 374596	Unknown, similar to dehydrogenase/reductase
SeqID n° 913	LM-2151.1	From 374621	to 375067	Unknown, similar to sugar-phosphate isomerase
SeqID n° 914	LM-2152.1	From 375074	to 375838	Unknown, similar to triosephosphate isomerase
SeqID n° 915	LM-2154.1	From 375842	to 376492	Unknown, similar to dihydroxyacetone kinase
SeqID n° 916	LM-2155.1	From 376514	to 377509	Unknown, similar to dihydroxyacetone kinase
SeqID n° 917	LM-2156.1	From 377531	to 377872	Unknown
SeqID n° 918	LM-2157.2	From 377888	to 378319	Unknown
SeqID n° 919	LM-2158.2	From 378404	to 378781	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 920	LM-216.1	From 1176304	to 1176654	Unknown, similar to Salmonella enterica PduU protein
SeqID n° 921	LM-2161.2	From 72408	to 74222	Unknown, similar to toxin components
SeqID n° 922	LM-2162.1	From 72062	to 72394	Unknown
SeqID n° 923	LM-2163.1	From 71360	to 72061	Unknown
SeqID n° 924	LM-2164.1	From 71064	to 71363	Unknown
SeqID n° 925	LM-2166.1	From 70676	to 71071	unknown
SeqID n° 926	LM-217.1	From 1175602	to 1176156	Unknown, similar to Salmonella enterica PduT protein
SeqID n° 927	LM-2170.1	From 66160	to 70656	Unknown, highly similar to B. subtilis Yuka protein
SeqID n° 928	LM-2171.1	From 64950	to 66146	Unknown, similar to B. subtilis YukC protein
SeqID n° 929	LM-2172.1	From 64677	to 64928	Unknown, similar to B. subtilis YukD protein
SeqID n° 930	LM-2174.1	From 64144	to 64659	Unknown
SeqID n° 931	LM-2178.1	From 60948	to 64154	Unknown, similar to B. subtilis YueB protein
SeqID n° 932	LM-2179.1	From 60506	to 60799	Unknown, similar to a small heat shock protein of Clostridium acetobutylicum
SeqID n° 933	LM-218.1	From 1174241	to 1175605	unknown, similar to Salmonella enterica PduS protein
SeqID n° 934	LM-2180.2	From 58897	to 60189	unknown, highly similar to adenylosuccinate synthetase
SeqID n° 935	LM-2182.2	From 1814403	to 1815080	Unknown, similar to two-component response regulator

SeqID n° 936	LM-2184.1	From 1813457	to 1814332	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 937	LM-2185.1	From 1812978	to 1813436	Unknown
SeqID n° 938	LM-2186.1	From 1811219	to 1812961	unknown, highly similar to adenine deaminases
SeqID n° 939	LM-2188.1	From 1810157	to 1811197	Unknown, similar to two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 940	LM-2189.1	From 1809118	to 1809759	Unknown, similar to amino acid (glutamine) ABC transporter, permease protein
SeqID n° 941	LM-2191.1	From 1808460	to 1809107	Unknown, similar to amino acid (glutamine) ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 942	LM-2193.1	From 1807643	to 1808458	Unknown, similar to amino acid ABC transporter (binding protein)
SeqID n° 943	LM-2194.1	From 1806446	to 1807552	Unknown, similar to glycerol dehydrogenase
SeqID n° 944	LM-2195.1	From 1805925	to 1806443	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 945	LM-2196.1	From 1805041	to 1805928	transcription activator of glutamate synthase operon GltC
SeqID n° 946	LM-2199.1	From 1800256	to 1804848	Unknown, similar to glutamate synthase (large subunit)
SeqID n° 947	LM-22.1	From 2726008	to 2727195	unknown, highly similar to translation elongation factor EF-Tu
SeqID n° 948	LM-220.1	From 1173643	to 1174122	unknown, similar to uroporphyrin-III C-methyltransferase
SeqID n° 949	LM-2201.1	From 1798772	to 1800241	Unknown, similar to glutamate synthase (small subunit)
SeqID n° 950	LM-2203.1	From 1797897	to 1798727	Unknown, similar to sugar transport protein
SeqID n° 951	LM-2204.1	From 1796987	to 1797880	Unknown, similar to sugar transport protein
SeqID n° 952	LM-2205.2	From 1795681	to 1796925	Unknown, similar to sugar binding protein
SeqID n° 953	LM-2207.2	From 2505425	to 2505835	Unknown
SeqID n° 954	LM-2209.1	From 2505858	to 2506370	unknown
SeqID n° 955	LM-221.1	From 1173144	to 1173551	unknown
SeqID n° 956	LM-2210.1	From 2506494	to 2506835	Unknown
SeqID n° 957	LM-2212.1	From 2506867	to 2507250	unknown
SeqID n° 958	LM-2213.1	From 2507306	to 2508202	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 959	LM-2214.1	From 2508247	to 2508816	Unknown



SeqID n° 960	LM-2215.1	From 2508992	to 2509411	unknown
SeqID n° 961	LM-2216.1	From 2510361	to 2514293	Unknown, similar to glycosidase
SeqID n° 962	LM-2217.1	From 2514308	to 2515210	Unknown, similar to internalin
SeqID n° 963	LM-2219.1	From 2515312	to 2518587	Unknown, similar to glycosidase
SeqID n° 964	LM-2220.1	From 2518971	to 2519879	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 965	LM-2221.1	From 2519935	to 2520399	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 966	LM-2222.1	From 2520415	to 2522796	Unknown, similar to exoribonuclease RNase-R
SeqID n° 967	LM-2224.2	From 2522830	to 2523576	Unknown, similar to carboxylesterase
SeqID n° 968	LM-2225.2	From 2343056	to 2343685	Unknown, similar to phosphoglucomutase
SeqID n° 969	LM-2226.1	From 2341865	to 2343013	Unknown, similar to aspartate aminotransferase
SeqID n° 970	LM-2227.1	From 2341064	to 2341789	Unknown, similar to amino acid ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 971	LM-2228.1	From 2339611	to 2341071	Unknown, similar to amino acid ABC transporter, permease protein
SeqID n° 972	LM-2229.1	From 2338420	to 2339418	Unknown, similar to low-affinity inorganic phosphate transporter
SeqID n° 973	LM-223.1	From 1172797	to 1173036	unknown
SeqID n° 974	LM-2230.1	From 2337786	to 2338406	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 975	LM-2232.1	From 2336515	to 2337399	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 976	LM-2233.1	From 2335862	to 2336518	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 977	LM-2234.1	From 2335468	to 2335860	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 978	LM-2235.1	From 2334586	to 2335455	Unknown, similar to putative ribosomal large subunit pseudouridine synthase
SeqID n° 979	LM-2236.1	From 2334003	to 2334569	Unknown, similar to methylphosphotriester-DNA alkyltransferase and transcriptional regulator
SeqID n° 980	LM-2237.1	From 2333375	to 2333857	Unknown, similar to O6-methylguanine-DNA methyltransferase
SeqID n° 981	LM-2238.1	From 2332888	to 2333283	Unknown, similar to transcriptional regulators (GntR family)

SeqID n° 982	LM-2239.1	From 2332020	to 2332898	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 983	LM-224.1	From 1172076	to 1172648	Unknown, similar to ATP-dependent Clp protease proteolytic component
SeqID n° 984	LM-2241.1	From 2330959	to 2332023	Unknown
SeqID n° 985	LM-2242.1	From 2329731	to 2330921	Unknown, similar to transport system permease protein
SeqID n° 986	LM-2244.1	From 2328363	to 2329571	Unknown, similar to transport system permease protein
SeqID n° 987	LM-2246.1	From 2327461	to 2328330	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 988	LM-2248.1	From 2325477	to 2327402	Unknown, similar to NADH oxidase
SeqID n° 989	LM-225.1	From 1171662	to 1172009	unknown
SeqID n° 990	LM-2250.1	From 2324554	to 2325408	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 991	LM-2251.1	From 2323375	to 2324253	Unknown, similar to transcriptional regulators (LysR family)
SeqID n° 992	LM-2253.1	From 2322031	to 2323335	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 993	LM-2254.2	From 2320906	to 2321775	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 994	LM-2255.2	From 2320416	to 2320841	Unknown, similar to arsenate reductase
SeqID n° 995	LM-2256.3	From 1405578	to 1405859	Unknown
SeqID n° 996	LM-2257.3	From 1404714	to 1405541	Unknown, similar to B. subtilis SpoIIJ protein
SeqID n° 997	LM-2258.3	From 1403227	to 1404678	two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 998	LM-2260.1	From 1402550	to 1403230	two-component response regulator
SeqID n° 999	LM-2261.2	From 1400941	to 1402359	Unknown, similar to 6-phosphogluconate dehydrogenase
SeqID n° 1000	LM-2262.2	From 1399699	to 1400796	Unknown, similar to aminotripeptidase
SeqID n° 1001	LM-2263.1	From 1398077	to 1399327	Unknown, similar to branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase E2 subunit (lipoamide acyltransferase)
SeqID n° 1002	LM-2266.1	From 1397063	to 1398046	Unknown, similar to branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase E1 subunit (2-oxoisovalerate dehydrogenase beta subunit)

SeqID n° 1003	LM-2267.1	From 1396051	to 1397046	Unknown, similar to branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase E1 subunit (2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha subunit)
SeqID n° 1004	LM-2269.1	From 1394599	to 1396026	Unknown, similar to branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase E3 subunit
SeqID n° 1005	LM-2270.1	From 1393517	to 1394584	Unknown, similar to branched-chain fatty-acid kinase
SeqID n° 1006	LM-2271.1	From 1392514	to 1393380	Unknown, similar to phosphotransbutyrylase
SeqID n° 1007	LM-2273.1	From 1390694	to 1392385	DNA repair and genetic recombination
SeqID n° 1008	LM-2274.1	From 1390222	to 1390671	Unknown, similar to arginine repressor
SeqID n° 1009	LM-2275.1	From 1389207	to 1390031	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1010	LM-2276.1	From 1387396	to 1389210	Unknown, similar to D-1-deoxyxylulose 5-phosphate synthase
SeqID n° 1011	LM-2278.1	From 1385934	to 1386815	Unknown, similar to geranyltranstransferase
SeqID n° 1012	LM-2280.1	From 1384362	to 1385714	Unknown, similar to exodeoxyribonuclease VII (large subunit)
SeqID n° 1013	LM-2283.1	From 1383489	to 1384343	unknown, highly similar to methylenetetrahydrofolate dehydrogenase and methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase
SeqID n° 1014	LM-2284.1	From 1383007	to 1383393	Unknown, similar to transcription termination protein (NusB)
SeqID n° 1015	LM-2285.1	From 1382569	to 1382976	unknown, similar to B. subtilis YqhY protein
SeqID n° 1016	LM-2287.3	From 1381201	to 1382565	acetyl-CoA carboxylase subunit (biotin carboxylase subunit)
SeqID n° 1017	LM-2289.3	From 1380720	to 1381187	Unknown, similar to acetyl-CoA carboxylase subunit (biotin carboxyl carrier subunit)
SeqID n° 1018	LM-2290.3	From 1380004	to 1380561	unknown, highly similar to elongation factor P (EF-P)
SeqID n° 1019	LM-2291.2	From 1275845	to 1276693	unknown, similar to B. subtilis YxkD protein

SeqID n° 1020	LM-2292.1	From 1274883	to 1275542	unknown, similar to regulator of the Fnr CRP family (including PrfA)
SeqID n° 1021	LM-2293.1	From 1273473	to 1274678	unknown; similar to antibiotic resistance protein
SeqID n° 1022	LM-2294.1	From 1273231	to 1273476	unknown
SeqID n° 1023	LM-2295.1	From 1272717	to 1273193	unknown, weakly similar to 8-oxo-dGTPase (mutT)
SeqID n° 1024	LM-2296.1	From 1272286	to 1272549	unknown
SeqID n° 1025	LM-2298.1	From 1270849	to 1272261	Unknown, similar to ATP-dependent RNA helicase (DEAD motif)
SeqID n° 1026	LM-2299.1	From 1269834	to 1270433	unknown weakly similar to phosphoglycerate mutase 1
SeqID n° 1027	LM-230.1	From 1168390	to 1169541	unknown
SeqID n° 1028	LM-2300.1	From 1269262	to 1269669	unknown
SeqID n° 1029	LM-2301.1	From 1268515	to 1269108	unknown, similar to B. subtilis Ydel protein
SeqID n° 1030	LM-2302.1	From 1267115	to 1268473	unknown
SeqID n° 1031	LM-2303.1	From 1266040	to 1266564	unknown, conserved hypothetical protein, similar to B. subtilis YsnB protein
SeqID n° 1032	LM-2304.1	From 1265392	to 1266003	unknown, conserved hypothetical protein, similar to B. subtilis YsnA protein
SeqID n° 1033	LM-2305.1	From 1264642	to 1265388	Unknown, similar to ribonuclease PH
SeqID n° 1034	LM-2306.1	From 1263829	to 1264629	Unknown, similar to glutamate racemase
SeqID n° 1035	LM-2307.1	From 1263187	to 1263681	unknown, similar to B. subtilis YslB protein
SeqID n° 1036	LM-2308.1	From 1261917	to 1263131	Unknown, similar to aspartokinase II alpha subunit
SeqID n° 1037	LM-231.1	From 1168021	to 1168368	unknown, similar to regulatory proteins
SeqID n° 1038	LM-2310.1	From 1259917	to 1261728	unknown, highly similar to excinuclease ABC subunit C
SeqID n° 1039	LM-2312.1	From 1259530	to 1259841	thioredoxin
SeqID n° 1040	LM-2315.1	From 1257092	to 1259449	unknown, similar to MutS protein (MutS2)
SeqID n° 1041	LM-2317.1	From 1255357	to 1257069	unknown, similar to DNA polymerase beta, to B. subtilis YshC protein
SeqID n° 1042	LM-2318.3	From 1254722	to 1255264	unknown, similar to B. subtilis YshB protein

SeqID n° 1043	LM-2319.2	From 347658	to 348428	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1044	LM-232.1	From 1167645	to 1167953	unknown, similar to B. subtilis YjcS protein
SeqID n° 1045	LM-2320.1	From 347219	to 347611	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1046	LM-2322.1	From 346377	to 347036	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1047	LM-2324.1	From 343221	to 344636	Unknown, similar to phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 1048	LM-2325.1	From 342551	to 343195	Unknown, similar to thiamin-phosphate pyrophosphorylase (ThiE)
SeqID n° 1049	LM-2327.1	From 341751	to 342554	Unknown, similar to phosphomethylpyrimidine kinase (ThiD)
SeqID n° 1050	LM-2329.1	From 340945	to 341754	Unknown, similar to hydroxyethylthiazole kinase (ThiM)
SeqID n° 1051	LM-2332.1	From 340278	to 340952	Unknown, similar to thiamin biosynthesis protein
SeqID n° 1052	LM-2333.1	From 339270	to 340055	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1053	LM-2334.1	From 338341	to 339087	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1054	LM-2335.2	From 337161	to 338363	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1055	LM-2336.3	From 336541	to 337161	Unknown
SeqID n° 1056	LM-2338.2	From 1026871	to 1029045	ATP-dependent protease
SeqID n° 1057	LM-2339.1	From 1026376	to 1026855	unknown, similar to methylated-DNA-protein-cystein methyltransferase
SeqID n° 1058	LM-234.1	From 1165962	to 1167608	unknown, similar to ABC transporters, ATP-binding proteins (HI0664)
SeqID n° 1059	LM-2340.1	From 1025159	to 1026190	unknown, similar to B. subtilis YkrP protein
SeqID n° 1060	LM-2341.1	From 1024761	to 1025129	unknown
SeqID n° 1061	LM-2342.1	From 1023346	to 1024680	unknown, similar to Na <sup>+</sup> -transporting ATP synthase subunit J
SeqID n° 1062	LM-2344.1	From 1022535	to 1023302	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1063	LM-2345.1	From 1021665	to 1022432	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1064	LM-2346.1	From 1020022	to 1021383	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1065	LM-2347.1	From 1019545	to 1019970	unknown, similar to regulatory proteins (MarR family)

SeqID n° 1066	LM-2348.1	From 1017870	to 1019438	unknown, similar to peptide chain release factor 3 (RF-3)
SeqID n° 1067	LM-2349.1	From 1016934	to 1017788	unknown, similar to Streptococcus agalactiae CylB protein
SeqID n° 1068	LM-235.2	From 1164245	to 1165960	ATP-binding transport protein
SeqID n° 1069	LM-2350.1	From 1016030	to 1016941	unknown, similar to antibiotic ABC transporter, ATP-binding protein, unknown
SeqID n° 1070	LM-2351.1	From 1015605	to 1016033	unknown, weakly similar to two-component response regulator
SeqID n° 1071	LM-2352.1	From 1015153	to 1015608	
SeqID n° 1072	LM-2353.1	From 1014540	to 1015019	unknown, similar to glutathione peroxidase
SeqID n° 1073	LM-2355.1	From 1013475	to 1014527	unknown, similar to glucanase and peptidase
SeqID n° 1074	LM-2358.1	From 1011860	to 1013335	unknown, similar to efflux transporter
SeqID n° 1075	LM-2359.1	From 1011074	to 1011826	unknown, similar to ABC transporter transmembrane component
SeqID n° 1076	LM-236.2	From 1163277	to 1163996	unknown, similar to transcription regulators
SeqID n° 1077	LM-2361.1	From 1010313	to 1011077	unknown, similar to daunorubicin resistance ATP-binding proteins
SeqID n° 1078	LM-2362.1	From 1009098	to 1010117	unknown; similar to branched-chain amino acid aminotransferase
SeqID n° 1079	LM-2363.1	From 1008130	to 1008879	unknown, similar to B. subtilis Yjch protein
SeqID n° 1080	LM-2364.1	From 1007669	to 1008112	unknown, similar to B. subtilis Yjcf protein
SeqID n° 1081	LM-2365.2	From 1006959	to 1007633	unknown, similar to ribose 5-phosphate isomerase
SeqID n° 1082	LM-2366.2	From 1937783	to 1938415	unknown, similar to hemolysinIII proteins, putative integral membrane protein
SeqID n° 1083	LM-2368.1	From 1938538	to 1939155	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1084	LM-2369.1	From 1939168	to 1939980	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1085	LM-237.1	From 1162666	to 1163280	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1086	LM-2371.1	From 1939999	to 1942638	unknown, similar to pyruvate phosphate

				dikinase
SeqID n° 1087	LM-2372.1	From 1942687	to 1943064	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1088	LM-2373.1	From 1943068	to 1944051	unknown, similar to conserved hypothetical proteins, putative integral membrane protein
SeqID n° 1089	LM-2375.1	From 1944145	to 1944768	unknown; similar to alkaline phosphatase
SeqID n° 1090	LM-2378.1	From 1944908	to 1946419	unknown, similar to phosphoglucomutases
SeqID n° 1091	LM-2379.1	From 1946488	to 1947363	unknown, similar to methyltransferases
SeqID n° 1092	LM-238.1	From 1161689	to 1162696	unknown
SeqID n° 1093	LM-2380.1	From 1947416	to 1947898	unknown, similar to dihydrofolate reductases
SeqID n° 1094	LM-2381.1	From 1947914	to 1948858	unknown, similar to thymidylate synthase
SeqID n° 1095	LM-2385.1	From 1948871	to 1950763	unknown, similar to putative ABC transporters (ATP-binding protein)
SeqID n° 1096	LM-2386.1	From 1950883	to 1951305	Unknown, similar to formyl-tetrahydrofolate synthetase C-terminal part
SeqID n° 1097	LM-2387.2	From 1951284	to 1952564	Unknown, similar to formyl-tetrahydrofolate synthetase N-terminal part
SeqID n° 1098	LM-2388.2	From 1952721	to 1953149	unknown, similar to transcriptional regulators
SeqID n° 1099	LM-239.1	From 1161220	to 1161675	unknown
SeqID n° 1100	LM-2390.2	From 148354	to 150009	Unknown, similar to ABC transporter oligopeptide-binding protein
SeqID n° 1101	LM-2391.1	From 147884	to 148291	Unknwon
SeqID n° 1102	LM-2392.1	From 147399	to 147764	unknwon
SeqID n° 1103	LM-2393.1	From 146764	to 147381	
SeqID n° 1104	LM-2394.1	From 146306	to 146656	unknown
SeqID n° 1105	LM-2395.1	From 145869	to 146306	Unknwon
SeqID n° 1106	LM-2397.1	From 144397	to 144840	Unknown
SeqID n° 1107	LM-2398.1	From 144097	to 144273	unknown
SeqID n° 1108	LM-24.1	From 2727304	to 2729391	unknown, highly similar to translation elongation factor G
SeqID n° 1109	LM-240.1	From 1160778	to 1161230	unknown, similar to E. coli YjaB protein
SeqID n° 1110	LM-2400.1	From 143366	to 143722	unknown
SeqID n° 1111	LM-2401.1	From 141618	to 143006	Unknwon
SeqID n° 1112	LM-2402.1	From 141337	to 141705	Unknwon
SeqID n° 1113	LM-2404.1	From 141052	to 141336	Unknwon

SeqID n° 1114	LM-2406.1	From 139960	to 140853	Unknwon, similar to oligopeptide ABC transporter, permease protein
SeqID n° 1115	LM-2409.1	From 138999	to 139949	Unknwon, similar to oligopeptide ABC transporter, permease protein
SeqID n° 1116	LM-241.2	From 1160220	to 1160753	unknown
SeqID n° 1117	LM-2411.2	From 137323	to 138897	Unknwon, similar to oligopeptide ABC transport system substrate-binding proteins
SeqID n° 1118	LM-2412.2	From 2164106	to 2165377	Unknown, weakly similar to transcription regulators
SeqID n° 1119	LM-2414.1	From 2166012	to 2167343	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1120	LM-2415.1	From 2167353	to 2167943	Unknown, similar to transcription regulators
SeqID n° 1121	LM-2416.1	From 2168054	to 2169097	Unknown, similar to lipases
SeqID n° 1122	LM-2417.1	From 2169312	to 2170526	Unknown, similar to argininosuccinate synthase
SeqID n° 1123	LM-2418.1	From 2170530	to 2171900	Unknown, similar to argininosuccinate lyase
SeqID n° 1124	LM-242.2	From 1159393	to 1159830	unknown
SeqID n° 1125	LM-2421.1	From 2172068	to 2173591	glycine betaine transporter BetL
SeqID n° 1126	LM-2423.1	From 2173836	to 2174486	Unknown, similar to L-fucose-phosphate aldolase
SeqID n° 1127	LM-2424.1	From 2174488	to 2175420	Unknown, similar to 1-phosphofructokinase
SeqID n° 1128	LM-2426.1	From 2175438	to 2176787	Unknown, similar to PTS system galactitol-specific enzyme IIC component
SeqID n° 1129	LM-2428.1	From 2176815	to 2177090	Unknown, similar to PTS system galactitol-specific enzyme IIB component
SeqID n° 1130	LM-2429.1	From 2177096	to 2177563	Unknown, similar to PTS system galactitol-specific enzyme IIA component
SeqID n° 1131	LM-243.1	From 1158930	to 1159403	unknown
SeqID n° 1132	LM-2431.1	From 2177571	to 2179577	Unknown, similar to transcription antiterminator
SeqID n° 1133	LM-2432.2	From 2179758	to 2181203	Unknown, similar to transcriptional regulator (GntR family) and to aminotransferase (MocR-like)
SeqID n° 1134	LM-2433.2	From 161420	to 162250	unknown
SeqID n° 1135	LM-2439.1	From 155993	to 156805	Unknwown, conserved hypothetical protein



SeqID n° 1136	LM-244.1	From 1158425	to 1158844	unknown
SeqID n° 1137	LM-2441.1	From 153608	to 155947	Unknwon, similar to ATP dependent helicase
SeqID n° 1138	LM-2442.1	From 152648	to 153328	Unknwon
SeqID n° 1139	LM-2444.1	From 151839	to 152645	Unknwon, similar to high-affinity zinc ABC transporter (membrane protein)
SeqID n° 1140	LM-2446.1	From 151186	to 151890	Unknwon, similar to high-affinity zinc ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1141	LM-2447.2	From 150232	to 151173	Unknown, similar to a probable high-affinity zinc ABC transporter (Zn(II)-binding lipoprotein)
SeqID n° 1142	LM-2448.2	From 2635167	to 2637920	autolysin, amidase
SeqID n° 1143	LM-245.1	From 1158020	to 1158388	unknown
SeqID n° 1144	LM-2450.1	From 2637964	to 2639562	unknown, highly similar to CTP synthases
SeqID n° 1145	LM-2452.1	From 2639930	to 2640466	Unknown, similar to B. subtilis RNA polymerase delta subunit
SeqID n° 1146	LM-2453.1	From 2640832	to 2642502	arginyl tRNA synthetase
SeqID n° 1147	LM-2455.1	From 2642499	to 2642948	Unknwon
SeqID n° 1148	LM-2456.1	From 2643026	to 2643679	Unknwon, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1149	LM-2457.1	From 2643973	to 2645295	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1150	LM-2458.1	From 2645310	to 2646146	Unknwon
SeqID n° 1151	LM-2459.1	From 2646686	to 2647009	Unknown
SeqID n° 1152	LM-246.1	From 1157592	to 1158008	unknown
SeqID n° 1153	LM-2460.1	From 2647164	to 2648825	Unknwon, similar to dipeptide ABC transporter (dipeptide-binding protein)
SeqID n° 1154	LM-2461.1	From 2648960	to 2649574	Unknwon
SeqID n° 1155	LM-2462.1	From 2649598	to 2650230	Unknwon, similar to nicotinamidase
SeqID n° 1156	LM-2463.1	From 2650231	to 2650755	Unknwon, similar to Chain A, Dihydrofolate Reductase
SeqID n° 1157	LM-2464.1	From 2650758	to 2651756	Unknown, similar to zinc-binding dehydrogenase
SeqID n° 1158	LM-2465.1	From 2651853	to 2652125	Unknwon
SeqID n° 1159	LM-2467.2	From 2652174	to 2653085	Unknwon, similar to cation transport protein
SeqID n° 1160	LM-2469.1	From 331543	to 332688	Unknown
SeqID n° 1161	LM-247.3	From 1156384	to 1157241	unknown, similar to methylases
SeqID n° 1162	LM-2470.1	From 331063	to 331446	Unknown
SeqID n° 1163	LM-2473.1	From 329923	to 330999	Unknown, similar to low specificity L-allo-threonine aldolase

SeqID n° 1164	LM-2474.1	From 328701	to 329966	Unknown
SeqID n° 1165	LM-2475.1	From 327941	to 328495	Unknown, putative secreted, lysin rich protein
SeqID n° 1166	LM-2476.1	From 327621	to 327905	Unknown
SeqID n° 1167	LM-2477.1	From 327113	to 327454	Unknown, similar to PTS beta-glucoside-specific enzyme IIA component
SeqID n° 1168	LM-2478.1	From 325729	to 327120	Unknown, similar to phospho-beta-glucosidase and phospho-beta-galactosidase
SeqID n° 1169	LM-2480.1	From 325422	to 325712	Unknown, similar to PTS beta-glucoside-specific enzyme IIB component
SeqID n° 1170	LM-2482.1	From 324104	to 325417	Unknown, similar to PTS beta-glucoside-specific enzyme IIC component
SeqID n° 1171	LM-2483.1	From 322134	to 324005	Unknown, similar to transcriptional antiterminator (BglG family)
SeqID n° 1172	LM-2485.1	From 321490	to 322128	Unknown
SeqID n° 1173	LM-2486.1	From 320542	to 321279	Unknown, similar to FMN-containing NADPH-linked nitro/flavin reductase
SeqID n° 1174	LM-2487.1	From 319560	to 320423	Unknown, similar to transcription regulator LysR-gltR family
SeqID n° 1175	LM-2488.2	From 319049	to 319528	Unknown, conserved hypothetical protein, highly similar to B. subtilis YydA proteinYyd
SeqID n° 1176	LM-2489.2	From 2118812	to 2119786	Unknown, similar to phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide transferase
SeqID n° 1177	LM-249.2	From 2788504	to 2790243	unknown, highly similar to ABC transporter (ATP-binding protein) required for expression of cytochrome BD
SeqID n° 1178	LM-2490.1	From 2117304	to 2118671	Unknown, similar to UDP-N-acetylmuramoylalanine D-glutamate ligase
SeqID n° 1179	LM-2491.1	From 2116216	to 2117307	Unknown, similar to peptidoglycan synthesis enzymes, putative phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase
SeqID n° 1180	LM-2493.1	From 2115381	to 2116193	Unknown, similar to cell-division initiation protein divIB

SeqID n° 1181	LM-2495.1	From 2113734	to 2115014	unknown, highly similar to cell-division protein FtsA
SeqID n° 1182	LM-2496.1	From 2112492	to 2113667	unknown, highly similar to cell-division initiation protein FtsZ
SeqID n° 1183	LM-2497.1	From 2111684	to 2112373	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1184	LM-2499.1	From 2111222	to 2111680	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1185	LM-25.1	From 2729457	to 2729927	ribosomal protein S7
SeqID n° 1186	LM-2500.1	From 2110909	to 2111199	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1187	LM-2501.1	From 2110009	to 2110785	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1188	LM-2506.1	From 2104901	to 2106001	Unknown, similar to quinolinate synthetase
SeqID n° 1189	LM-2507.1	From 2104059	to 2104904	Unknown, similar to nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase
SeqID n° 1190	LM-2508.2	From 2102608	to 2104062	Unknown, similar to L-aspartate oxidase
SeqID n° 1191	LM-2509.2	From 2101371	to 2102477	Unknown, similar to a NifS-like protein required for NAD biosynthesis
SeqID n° 1192	LM-251.1	From 2790243	to 2791967	unknown, highly similar to ABC transporter required for expression of cytochrome BD
SeqID n° 1193	LM-2510.2	From 2034693	to 2035517	Unknown, similar to ferrichrome ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1194	LM-2511.1	From 2035507	to 2036505	Unknown, similar to oxidoreductases
SeqID n° 1195	LM-2512.1	From 2036521	to 2037141	Unknown, similar to transcription regulators (TetR family)
SeqID n° 1196	LM-2514.2	From 2037141	to 2037956	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1197	LM-2515.2	From 2037953	to 2038840	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1198	LM-2517.1	From 2039441	to 2039998	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1199	LM-2518.1	From 2040274	to 2040933	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1200	LM-252.1	From 2791967	to 2792980	unknown, highly similar to cytochrome D ubiquinol oxidase subunit II
SeqID n° 1201	LM-2520.1	From 2040911	to 2042110	Unknown, similar to toxic ion resistance proteins

SeqID n° 1202	LM-2521.1	From 2042157	to 2042900	unknown, similar to creatinine amidohydrolases
SeqID n° 1203	LM-2522.1	From 2042913	to 2043521	Unknown, similar to 2-keto-3-deoxygluconate-6-phosphate aldolase
SeqID n° 1204	LM-2523.1	From 2043540	to 2044457	Unknown, similar to putative phosphotriesterase related proteins
SeqID n° 1205	LM-2524.1	From 2044481	to 2045749	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1206	LM-2527.1	From 2046046	to 2046489	Unknown, similar to PTS system enzyme II A component
SeqID n° 1207	LM-2528.1	From 2046507	to 2047256	Unknown, similar to transcription regulators, (GntR family)
SeqID n° 1208	LM-2529.1	From 2047444	to 2048514	Unknown, similar to E. coli DNA-damage-inducible protein dinP
SeqID n° 1209	LM-2530.1	From 2048623	to 2049414	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 1210	LM-2531.1	From 2049419	to 2050339	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1211	LM-2532.4	From 2050639	to 2052114	Unknown, similar to glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase
SeqID n° 1212	LM-2533.2	From 1731955	to 1732893	unknown, similar to menaquinone biosynthesis proteins
SeqID n° 1213	LM-2536.1	From 1732926	to 1734779	unknown, similar to 5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase (methH)
SeqID n° 1214	LM-2538.1	From 1734776	to 1735948	unknown; similar to cystathionine beta-lyase
SeqID n° 1215	LM-2539.1	From 1735941	to 1737065	unknown, similar to cystathionine gamma-synthase
SeqID n° 1216	LM-254.1	From 2792967	to 2794373	unknown, highly similar to cytochrome D ubiquinol oxidase subunit I
SeqID n° 1217	LM-2540.2	From 1737087	to 1739384	unknown, similar to cobalamin-independent methionine synthase
SeqID n° 1218	LM-2542.2	From 2088797	to 2091454	Unknown, similar to putative sugar hydrolases
SeqID n° 1219	LM-2543.1	From 2087489	to 2088793	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1220	LM-2544.1	From 2086817	to 2087428	unknown, similar to unknown proteins

SeqID n° 1221	LM-2545.1	From 2085021	to 2086760	unknown, similar to two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 1222	LM-2546.1	From 2083537	to 2085021	unknown, similar to two-component response regulator
SeqID n° 1223	LM-2547.1	From 2082495	to 2083424	Unknown, similar to putative transport system integral membrane protein
SeqID n° 1224	LM-2548.1	From 2081505	to 2082476	Unknown, similar to ABC transporter, permease protein
SeqID n° 1225	LM-2549.1	From 2080027	to 2081484	Unknown, similar to putative sugar-binding lipoproteins
SeqID n° 1226	LM-255.1	From 2794755	to 2795225	Unknown, conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1227	LM-2553.1	From 2078132	to 2079829	Unknown, similar to alpha-acetolactate synthase protein, AlsS
SeqID n° 1228	LM-2554.3	From 2077019	to 2078014	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 1229	LM-2557.2	From 634479	to 635279	Unknown, similar to transport proteins (formate?)
SeqID n° 1230	LM-2559.2	From 633709	to 634251	Unknown
SeqID n° 1231	LM-2560.1	From 632811	to 633581	Unknown, similar to unknown membrane proteins
SeqID n° 1232	LM-2561.1	From 631045	to 632811	Unknown, similar to a fusion of two types of conserved hypothetical protein conserved hypothetical
SeqID n° 1233	LM-2562.1	From 630629	to 631042	Unknown
SeqID n° 1234	LM-2563.1	From 629088	to 630491	Unknown, similar to DNA photolyase
SeqID n° 1235	LM-2565.1	From 626506	to 628971	Unknown, putative secreted protein
SeqID n° 1236	LM-2566.1	From 625463	to 626488	Unknown
SeqID n° 1237	LM-2567.2	From 624682	to 625395	Unknown, putative secreted protein
SeqID n° 1238	LM-2568.3	From 702088	to 702954	Unknown, conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1239	LM-2570.1	From 701247	to 702062	unknown, highly similar to phosphomethylpyrimidine kinase thiD
SeqID n° 1240	LM-2571.1	From 700876	to 701184	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1241	LM-2573.1	From 700537	to 700821	unknown, similar to transposases

SeqID n° 1242	LM-2574.1	From 699410	to 700306	Unknown, similar to transcription regulator (Rgg type)
SeqID n° 1243	LM-2575.1	From 698785	to 699420	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1244	LM-2577.1	From 698317	to 698733	Unknown
SeqID n° 1245	LM-2578.1	From 697634	to 698197	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1246	LM-2579.1	From 696883	to 697590	Unknown, similar to phosphoprotein phosphatases
SeqID n° 1247	LM-258.1	From 2795420	to 2796997	Unknown, similar to acetate-CoA ligase
SeqID n° 1248	LM-2581.1	From 695496	to 696416	Unknown
SeqID n° 1249	LM-2583.1	From 694973	to 695509	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1250	LM-2584.1	From 694317	to 694964	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1251	LM-2587.1	From 691581	to 694271	Unknown, conserved membrane protein
SeqID n° 1252	LM-2589.1	From 690897	to 691538	Unknown, similar to transcription regulators
SeqID n° 1253	LM-259.1	From 2797039	to 2797758	Unknown, similar to glucosamine-6-phosphate isomerase
SeqID n° 1254	LM-2590.1	From 689923	to 690873	Unknown, similar to membrane proteins
SeqID n° 1255	LM-2592.1	From 689541	to 689825	Unknown
SeqID n° 1256	LM-2593.1	From 688619	to 689458	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1257	LM-2594.2	From 687138	to 688529	Unknown, similar to amino acid transporter
SeqID n° 1258	LM-2597.3	From 1113759	to 1115630	unknown, similar to B. subtilis minor teichoic acids biosynthesis protein GgaB
SeqID n° 1259	LM-2598.3	From 1115647	to 1116513	Unknown, similar to glucose-1-phosphate thymidyl transferase
SeqID n° 1260	LM-2599.1	From 1116532	to 1117092	Unknown, similar to dTDP-sugar epimerase
SeqID n° 1261	LM-26.1	From 2729958	to 2730371	ribosomal protein S12
SeqID n° 1262	LM-260.1	From 2797838	to 2798572	Unknown, similar to merR-family transcriptional regulator
SeqID n° 1263	LM-2600.1	From 1117093	to 1118079	Unknown, similar to dTDP-D-glucose 4,6-dehydratase
SeqID n° 1264	LM-2601.1	From 1118082	to 1118912	unknown, similar to DTDP-L-rhamnose synthetase
SeqID n° 1265	LM-2602.1	From 1118992	to 1121022	unknown, similar to teichoic acid biosynthesis protein B

SeqID n° 1266	LM-2603.1	From 1121098	to 1121808	unknown, similar to CDP-ribitol pyrophosphorylase
SeqID n° 1267	LM-2604.1	From 1121805	to 1122830	unknown, similar to glucitol dehydrogenase
SeqID n° 1268	LM-2606.1	From 1122918	to 1124078	unknown, similar to teichoic acid biosynthesis protein B precursor
SeqID n° 1269	LM-2607.1	From 1124079	to 1124462	unknown, highly similar to glycerol-3-phosphate cytidylyltransferase (gct), CDP-glycerol pyrophosphorylase (teichoic acid biosynthesis protein D)
SeqID n° 1270	LM-2608.1	From 1124484	to 1125467	unknown, similar to glycosyltransferases
SeqID n° 1271	LM-2609.1	From 1125482	to 1126495	unknown, similar to glycosyltransferases
SeqID n° 1272	LM-261.1	From 2798626	to 2799087	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1273	LM-2611.1	From 1126704	to 1128194	unknown, conserved hypothetical protein, similar to B. subtilis YueK protein
SeqID n° 1274	LM-2613.1	From 1128206	to 1129030	unknown, similar to NH(3)-dependent NAD(+) synthetases, nitrogen regulatory protein
SeqID n° 1275	LM-2614.1	From 1129043	to 1129351	unknown
SeqID n° 1276	LM-2615.1	From 1129412	to 1129816	unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific IIB component (cel A)
SeqID n° 1277	LM-2616.1	From 1129945	to 1131501	unknown, highly similar to GMP synthetase
SeqID n° 1278	LM-2618.1	From 1131558	to 1132760	unknown, similar to integrases
SeqID n° 1279	LM-2619.1	From 1133698	to 1134117	unknown, similar to a protein encoded by Tn916
SeqID n° 1280	LM-262.1	From 2799108	to 2799551	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1281	LM-2621.4	From 1134472	to 1136595	cadmium resistance protein
SeqID n° 1282	LM-2623.2	From 2119833	to 2121308	Unknown, similar to UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate-2,6-diaminopimelate ligase
SeqID n° 1283	LM-2625.2	From 2121483	to 2123738	Unknown, similar to penicillin-binding protein 2B
SeqID n° 1284	LM-2626.2	From 2123735	to 2124097	Unknown, similar to cell-division protein FtsL
SeqID n° 1285	LM-2628.1	From 2124114	to 2125052	Unknown, similar to unknown proteins

SeqID n° 1286	LM-2629.1	From 2125065	to 2125496	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1287	LM-263.1	From 2799609	to 2800961	Unknown, conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1288	LM-2631.2	From 2125699	to 2126946	Unknown, similar to integral membrane proteins
SeqID n° 1289	LM-2632.1	From 2127062	to 2128876	Unknown, similar to transporter binding proteins
SeqID n° 1290	LM-2633.1	From 2128806	to 2129192	Unknown
SeqID n° 1291	LM-2635.1	From 2129185	to 2130078	Unknown, weakly similar to ketopantoate reductase involved in thiamin biosynthesis
SeqID n° 1292	LM-2637.1	From 2130492	to 2131028	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1293	LM-2638.1	From 2131158	to 2132330	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1294	LM-2639.1	From 2132412	to 2134652	Unknown, similar to excinuclease ABC (subunit A)
SeqID n° 1295	LM-264.1	From 2800958	to 2801407	Unknown, similar to transcription regulators
SeqID n° 1296	LM-2641.1	From 2134695	to 2135735	Unknown, weakly similar to proteases
SeqID n° 1297	LM-2642.1	From 2135754	to 2136236	Unknown, similar to phosphopantetheine adenylyltransferase
SeqID n° 1298	LM-2643.1	From 2136239	to 2136796	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1299	LM-2645.1	From 2136893	to 2137174	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1300	LM-2647.1	From 2137205	to 2137654	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1301	LM-2648.1	From 2137702	to 2138757	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1302	LM-265.1	From 2801577	to 2802458	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1303	LM-2650.2	From 2138904	to 2139809	unknown, highly similar to heme A farnesyltransferase
SeqID n° 1304	LM-2651.2	From 1994751	to 1995434	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1305	LM-2652.1	From 1995520	to 1996116	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1306	LM-2653.1	From 1996204	to 1996749	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1307	LM-2654.1	From 1996784	to 1998037	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1308	LM-2657.1	From 1998168	to 1999454	Unknown, similar to 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase
SeqID n° 1309	LM-2659.1	From 1999468	to 2000571	Unknown, similar to prephenate dehydrogenase



SeqID n° 1310	LM-266.1	From 2802543	to 2802998	Unknown, similar to transcription regulator MerR family
SeqID n° 1311	LM-2660.1	From 2000592	to 2001674	Unknown, similar to histidinol-phosphate aminotransferase and tyrosine/phenylalanine aminotransferase
SeqID n° 1312	LM-2661.1	From 2001674	to 2002048	Unknown, similar to chorismate mutase
SeqID n° 1313	LM-2662.1	From 2002045	to 2003142	Unknown, similar to 3-dehydroquinate synthase
SeqID n° 1314	LM-2664.2	From 2003145	to 2004311	Unknown, similar to chorismate synthase
SeqID n° 1315	LM-267.1	From 2802998	to 2803402	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1316	LM-2675.4	From 1748263	to 1748709	unknown, similar to transcription regulators (Fur family), PerR in <i>B. subtilis</i>
SeqID n° 1317	LM-2676.2	From 1356769	to 1357683	unknown, highly similar to tRNA pseudouridine 55 synthase
SeqID n° 1318	LM-2677.1	From 1356327	to 1356671	unknown, highly similar to ribosome-binding factor A
SeqID n° 1319	LM-2679.1	From 1356032	to 1356310	unknown, conserved hypothetical protein similar to <i>B. subtilis</i> YlxP protein
SeqID n° 1320	LM-268.1	From 2803445	to 2804056	unknown, similar to phosphatase
SeqID n° 1321	LM-2683.1	From 1353696	to 1356035	unknown, highly similar to translation initiation factor IF-2
SeqID n° 1322	LM-2684.1	From 1353374	to 1353673	unknown, conserved hypothetical protein, similar to <i>B. subtilis</i> YlxQ protein
SeqID n° 1323	LM-2685.1	From 1353097	to 1353381	unknown, similar to <i>B. subtilis</i> YlxR protein
SeqID n° 1324	LM-2687.1	From 1351964	to 1353082	unknown, highly similar to N utilization substance protein A (NusA protein)
SeqID n° 1325	LM-2689.1	From 1351467	to 1351934	unknown, conserved hypothetical protein, similar to <i>B. subtilis</i> YlxS protein
SeqID n° 1326	LM-269.1	From 2804070	to 2804438	unknown, similar to transcription regulator (RpiR family)
SeqID n° 1327	LM-2692.1	From 1346951	to 1351285	unknown, highly similar to DNA polymerase III (alpha subunit)

SeqID n° 1328	LM-2693.1	From 1345140	to 1346846	prolyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1329	LM-2696.2	From 1343838	to 1345100	unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YluC protein
SeqID n° 1330	LM-2698.2	From 1342682	to 1343824	Unknown, similar to deoxyxylulose 5-phosphate reductoisomerase
SeqID n° 1331	LM-2699.2	From 1341879	to 1342667	unknown, similar to phosphatidate cytidyltransferase (CDP- diglyceride synthase)
SeqID n° 1332	LM-27.1	From 2730564	to 2731961	Unknown, similar to dGTP triphosphohydrolase
SeqID n° 1333	LM-270.1	From 2804522	to 2805274	unknown
SeqID n° 1334	LM-2701.3	From 1779714	to 1780802	unknown, similar to putative outer surface protein
SeqID n° 1335	LM-2702.1	From 1780824	to 1781126	unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) lichenan- specific enzyme IIA component
SeqID n° 1336	LM-2703.1	From 1781196	to 1781504	unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) lichenan- specific enzyme IIB component
SeqID n° 1337	LM-2705.2	From 1781661	to 1784339	unknown, similar to transcriptional regulator (NifA/NtrC family)
SeqID n° 1338	LM-2707.2	From 1784473	to 1785798	unknown, similar to ATP- dependent RNA helicases
SeqID n° 1339	LM-2708.1	From 1785841	to 1786614	unknown
SeqID n° 1340	LM-2710.1	From 1786607	to 1787287	unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1341	LM-2711.1	From 1787280	to 1787648	unknown, similar to transcriptional regulator (GntR family)
SeqID n° 1342	LM-2712.1	From 1787769	to 1788752	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 1343	LM-2713.1	From 1788812	to 1789777	unknown, similar to transcription regulators (LacI family)
SeqID n° 1344	LM-2714.1	From 1789825	to 1793085	unknown, some similarities to cellobiose- phosphorylase
SeqID n° 1345	LM-2717.2	From 1793082	to 1795253	unknown, similar to beta- glucosidases
SeqID n° 1346	LM-2718.2	From 1561978	to 1564242	Unknown, similar to protein-export membrane protein SecDF

SeqID n° 1347	LM-272.1	From 2805440	to 2807398	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIABC component
SeqID n° 1348	LM-2720.1	From 1564343	to 1564633	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1349	LM-2721.1	From 1564776	to 1565105	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1350	LM-2722.1	From 1565139	to 1566278	Unknown, similar to tRNA-guanine transglycosylase Tgt
SeqID n° 1351	LM-2723.1	From 1566365	to 1567393	Unknown, similar to S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase
SeqID n° 1352	LM-2725.1	From 1567397	to 1568404	unknown, highly similar to Holliday junction DNA helicase RuvB
SeqID n° 1353	LM-2726.1	From 1568420	to 1569025	unknown, highly similar to Holliday junction DNA helicase (ruvA)
SeqID n° 1354	LM-2728.1	From 1569149	to 1570084	Unknown, similar to L-lactate dehydrogenase
SeqID n° 1355	LM-2729.1	From 1570154	to 1570879	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1356	LM-273.1	From 2807459	to 2810107	Unknown, weakly similar to sugar hydrolase
SeqID n° 1357	LM-2730.1	From 1570990	to 1571838	Unknown, similar to prephenate dehydratase PheA
SeqID n° 1358	LM-2732.1	From 1571905	to 1573194	Unknown, conserved GTP binding protein
SeqID n° 1359	LM-2735.1	From 1573354	to 1574847	Unknown, similar to glycerol kinase
SeqID n° 1360	LM-2736.2	From 1574922	to 1575740	Unknown, similar to glycerol uptake facilitator
SeqID n° 1361	LM-2737.2	From 623251	to 624423	Unknown, conserved hypothetical membrane protein
SeqID n° 1362	LM-274.1	From 2810109	to 2811791	Unknown, similar to Sucrose phosphorylase
SeqID n° 1363	LM-2741.1	From 620805	to 623135	Unknown, similar to preprotein translocase SecA subunit
SeqID n° 1364	LM-2743.3	From 618932	to 620380	P60 extracellular protein, invasion associated protein lap
SeqID n° 1365	LM-2746.1	From 617660	to 618844	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1366	LM-2747.1	From 616973	to 617629	Unknown, weakly similar to carboxylesterase
SeqID n° 1367	LM-275.1	From 2811788	to 2812921	Unknown, conserved hypothetical protein

SeqID n° 1368	LM-2752.1	From 615825	to 616577	Unknown, putative conserved membrane protein
SeqID n° 1369	LM-2753.1	From 615353	to 615811	Unknown
SeqID n° 1370	LM-2754.1	From 613836	to 615299	Unknown
SeqID n° 1371	LM-2755.2	From 612678	to 613406	Unknown, similar to transcription regulator GntR family
SeqID n° 1372	LM-2758.2	From 2343858	to 2345150	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1373	LM-2759.1	From 2345260	to 2345526	Unknown
SeqID n° 1374	LM-276.1	From 2812925	to 2813881	Unknown, similar to transcriptional regulator (LacI family)
SeqID n° 1375	LM-2760.1	From 2345567	to 2346088	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1376	LM-2761.1	From 2346252	to 2346596	Unknown, hypothetical CDS
SeqID n° 1377	LM-2762.1	From 2346935	to 2347285	unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIA
SeqID n° 1378	LM-2763.1	From 2347276	to 2348151	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1379	LM-2764.1	From 2348231	to 2348539	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1380	LM-2765.1	From 2348604	to 2349356	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1381	LM-2766.1	From 2349475	to 2350320	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1382	LM-2768.1	From 2350398	to 2351300	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1383	LM-2769.1	From 2351384	to 2351746	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1384	LM-2770.1	From 2351767	to 2352615	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1385	LM-2771.1	From 2352616	to 2356323	Unknown, similar to ATP-dependent deoxyribonuclease (subunit A)
SeqID n° 1386	LM-2772.3	From 2356325	to 2359798	Unknown, similar to ATP-dependent deoxyribonuclease (subunit B)
SeqID n° 1387	LM-2774.2	From 2097176	to 2099941	isoleucyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1388	LM-2776.1	From 2096075	to 2097064	Unknown, similar to diaminopimelate epimerase
SeqID n° 1389	LM-2778.1	From 2095366	to 2096061	Unknown, similar to unknown proteins

SeqID n° 1390	LM-278.1	From 2813949	to 2815283	Unknown, conserved hypothetical protein similar to hypothetical hemolysin
SeqID n° 1391	LM-2780.2	From 2091698	to 2094808	Unknown, similar to alpha-mannosidase
SeqID n° 1392	LM-2781.3	From 2504300	to 2505157	Unknown, similar to transcription antiterminator
SeqID n° 1393	LM-2782.1	From 2503931	to 2504236	Unknown, similar to B. subtilis YfhL protein
SeqID n° 1394	LM-2784.1	From 2502401	to 2503804	unknown, highly similar to glutamate decarboxylases
SeqID n° 1395	LM-2785.1	From 2501603	to 2502361	Unknown, similar to acetyl esterase
SeqID n° 1396	LM-2788.1	From 2500179	to 2501150	Unknown, similar to B. subtilis ferrichrome ABC transporter fhuD precursor (ferrichrome-binding protein)
SeqID n° 1397	LM-2790.1	From 2499169	to 2500179	Unknown, similar to B. subtilis ferrichrome ABC transporter (permease) FhuG
SeqID n° 1398	LM-2792.1	From 2498381	to 2499172	Unknown, similar to B. subtilis ferrichrome ABC transporter (ATP-binding protein) FhuC
SeqID n° 1399	LM-2793.1	From 2497069	to 2498238	Unknown, similar to cell division proteins RodA, FtsW
SeqID n° 1400	LM-2794.1	From 2495818	to 2496993	Unknown, similar to cell division proteins RodA, FtsW
SeqID n° 1401	LM-2795.2	From 2495309	to 2495662	Unknown, conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1402	LM-2796.1	From 1674961	to 1676325	unknown, highly similar to anthranilate synthase alpha subunit
SeqID n° 1403	LM-2797.1	From 1674359	to 1674964	unknown, highly similar to anthranilate synthase beta subunit
SeqID n° 1404	LM-2798.1	From 1673368	to 1674387	unknown, highly similar to anthranilate phosphoribosyltransferase
SeqID n° 1405	LM-2799.1	From 1672613	to 1673371	unknown, highly similar to indol-3-glycerol phosphate synthases
SeqID n° 1406	LM-28.1	From 2731976	to 2732455	Unknown, similar to spermidine/spermine N1-acetyl transferase
SeqID n° 1407	LM-280.1	From 2815401	to 2816090	unknown, similar to regulatory proteins of the SIR2 family

SeqID n° 1408	LM-2801.1	From 1672008	to 1672616	phosphoribosyl anthranilate isomerase
SeqID n° 1409	LM-2804.1	From 1670803	to 1672005	unknown, highly similar to tryptophan synthase (beta subunit)
SeqID n° 1410	LM-2805.1	From 1670037	to 1670810	unknown, highly similar to tryptophan synthase (alpha subunit)
SeqID n° 1411	LM-2806.1	From 1669529	to 1669966	unknown
SeqID n° 1412	LM-2808.1	From 1667831	to 1669444	Unknown, similar to putative transporters
SeqID n° 1413	LM-2809.1	From 1666107	to 1667720	Unknown, similar to putative transporters
SeqID n° 1414	LM-2810.1	From 1665444	to 1666097	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1415	LM-2811.2	From 1664575	to 1665405	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1416	LM-2812.2	From 49585	to 49878	30S ribosomal protein S6
SeqID n° 1417	LM-2813.2	From 49934	to 50470	unknown, highly similar to single-strand binding protein (SSB)
SeqID n° 1418	LM-2816.1	From 50907	to 51518	unknown
SeqID n° 1419	LM-2817.1	From 51775	to 52389	Unknown, similar to Staphylococcus AgrB protein
SeqID n° 1420	LM-2818.1	From 52630	to 53925	Unknown, similar to sensor histidine kinase (AgrC from Staphylococcus)
SeqID n° 1421	LM-2819.1	From 53944	to 54672	Unknown, similar to 2-components response regulator protein (AgrA from Staphylococcus)
SeqID n° 1422	LM-282.1	From 2816083	to 2816373	Unknown
SeqID n° 1423	LM-2820.1	From 54839	to 56812	Unknown, highly similar to B. subtilis YybT protein
SeqID n° 1424	LM-2822.1	From 56815	to 57261	50S ribosomal protein L9
SeqID n° 1425	LM-2823.2	From 57286	to 58638	unknown, highly similar to replicative DNA helicases
SeqID n° 1426	LM-2826.1	From 2580470	to 2581780	Unknown, similar to cell wall binding proteins
SeqID n° 1427	LM-2827.1	From 2581900	to 2583105	peptidoglycan lytic protein P45
SeqID n° 1428	LM-2829.1	From 2583181	to 2584065	unknown, highly similar to cell-division protein FtsX
SeqID n° 1429	LM-283.1	From 2816363	to 2817571	Unknown, similar to drug-efflux transporters
SeqID n° 1430	LM-2831.1	From 2584055	to 2584741	unknown, highly similar to the cell-division ATP-binding protein FtsE
SeqID n° 1431	LM-2832.1	From 2585245	to 2586108	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins

SeqID n° 1432	LM-2833.1	From 2586114	to 2587097	unknown, highly similar to peptide chain release factor 2
SeqID n° 1433	LM-2834.2	From 2587300	to 2589813	translocase binding subunit (ATPase)
SeqID n° 1434	LM-2835.2	From 1052509	to 1053429	unknown
SeqID n° 1435	LM-2836.1	From 1051695	to 1052354	unknown, similar to a bacterial K(+)-uptake system
SeqID n° 1436	LM-2838.1	From 1051038	to 1051676	unknown, similar to two-component response regulator, in particular B. subtilis YvqC protein
SeqID n° 1437	LM-2839.1	From 1049983	to 1051041	unknown, similar to two-component sensor histidine kinase in particular B. subtilis YvqE protein
SeqID n° 1438	LM-284.1	From 2817688	to 2818035	unknown
SeqID n° 1439	LM-2840.1	From 1049273	to 1049986	unknown, similar to B. subtilis YvqF protein
SeqID n° 1440	LM-2842.1	From 1048266	to 1049138	unknown, similar to B. subtilis YitL protein
SeqID n° 1441	LM-2843.1	From 1047490	to 1048185	unknown, similar to E. coli copper homeostasis protein CutC
SeqID n° 1442	LM-2845.1	From 1046886	to 1047377	unknown, similar to phosphotransferase system glucose-specific enzyme IIA
SeqID n° 1443	LM-2846.1	From 1045869	to 1046771	unknown, highly similar to glycine betaine ABC transporters (glycine betaine-binding protein)
SeqID n° 1444	LM-2847.1	From 1045007	to 1045855	unknown, highly similar to glycine betaine ABC transporters (permease)
SeqID n° 1445	LM-285.1	From 2818054	to 2818698	Unknown, similar to transaldolase
SeqID n° 1446	LM-2851.1	From 1043821	to 1045014	unknown, highly similar to glycine betaine ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1447	LM-2853.1	From 1042605	to 1043450	unknown, similar to conserved hypothetical proteins like to B. subtilis YkuT protein
SeqID n° 1448	LM-2854.1	From 1041446	to 1042561	unknown, similar to N-acyl-L-amino acid amidohydrolases
SeqID n° 1449	LM-2856.1	From 1040672	to 1041382	unknown, similar to tetrahydrodipicolinate succinylase

SeqID n° 1450	LM-2857.1	From 1039746	to 1040624	unknown, similar to transcription regulator (LysR family).
SeqID n° 1451	LM-2858.1	From 1039297	to 1039749	unknown, similar to B. subtilis YkuL protein
SeqID n° 1452	LM-2859.2	From 1038863	to 1039096	unknown, similar to B. subtilis YkuJ protein
SeqID n° 1453	LM-286.1	From 2818841	to 2819530	Unknown, weakly similar to transcription regulators CRP/FNR family
SeqID n° 1454	LM-2860.1	From 600837	to 601148	Unknown, similar to phosphorybosil-AMP-cyclohydrolase (HisI2 protein)
SeqID n° 1455	LM-2861.1	From 601149	to 601466	Unknown, similar to phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (HisI1 protein)
SeqID n° 1456	LM-2863.1	From 601463	to 602218	unknown, highly similar to cyclase HisF
SeqID n° 1457	LM-2864.1	From 602208	to 602930	unknown, highly similar to phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase
SeqID n° 1458	LM-2866.1	From 602909	to 603535	unknown, similar to amidotransferases
SeqID n° 1459	LM-2867.1	From 603536	to 604120	imidazoleglycerol-phosphate dehydratase
SeqID n° 1460	LM-2868.1	From 604121	to 605404	unknown, highly similar to histidinol dehydrogenases
SeqID n° 1461	LM-287.1	From 2819860	to 2821587	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1462	LM-2870.1	From 605401	to 606042	Unknown, similar to ATP phosphoribosyltransferase
SeqID n° 1463	LM-2871.2	From 606039	to 607220	histidyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1464	LM-2872.2	From 1645958	to 1646413	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1465	LM-2873.3	From 1646669	to 1647781	Unknown, similar to aminopeptidase
SeqID n° 1466	LM-2875.1	From 1647821	to 1648366	Unknown, similar to 2-cys peroxiredoxin
SeqID n° 1467	LM-2877.1	From 1648511	to 1649854	unknown, similar to UDP-N-acetyl muramate-alanine ligases
SeqID n° 1468	LM-2878.2	From 1650149	to 1652500	Unknown, similar to DNA translocase
SeqID n° 1469	LM-288.1	From 2821641	to 2821892	Unknown
SeqID n° 1470	LM-2880.1	From 1652810	to 1653427	Unknown, similar phenylalanyl-tRNA synthetase (beta subunit)



SeqID n° 1471	LM-2881.1	From 1653433	to 1654233	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1472	LM-2882.1	From 1654268	to 1654579	Unknown, similar to thioredoxin
SeqID n° 1473	LM-2883.1	From 1654902	to 1655975	Unknown, similar to aminopeptidase
SeqID n° 1474	LM-2884.1	From 1656173	to 1656484	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1475	LM-2885.1	From 1656521	to 1656769	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1476	LM-2886.1	From 1656903	to 1657754	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1477	LM-2887.2	From 1657815	to 1658459	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1478	LM-2889.2	From 1658466	to 1659248	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1479	LM-289.1	From 2821912	to 2823195	seryl-trna synthetase
SeqID n° 1480	LM-2890.2	From 1307009	to 1307605	unknown, conserved hypothetical protein, similar to B. subtilis YneS protein
SeqID n° 1481	LM-2892.1	From 1306095	to 1306967	Unknown, similar to Lactococcus lactis LacX protein
SeqID n° 1482	LM-2894.1	From 1305781	to 1306092	Unknown, similar to B. subtilis YneQ protein
SeqID n° 1483	LM-2895.1	From 1305390	to 1305758	Unknown, similar to B. subtilis YneP protein
SeqID n° 1484	LM-2898.1	From 1304457	to 1305236	unknown, highly similar to B. subtilis CodY protein
SeqID n° 1485	LM-29.1	From 2732589	to 2733233	Unknown, similar to ribulose-phosphate 3-epimerase
SeqID n° 1486	LM-290.1	From 2823530	to 2823949	Unknown, similar to B. subtilis stress protein YdaG
SeqID n° 1487	LM-2900.1	From 1303027	to 1304436	unknown, highly similar to ATP-dependent Clp protease-like proteins
SeqID n° 1488	LM-2901.1	From 1302474	to 1303013	unknown, highly similar to beta-type subunit of the 20S proteasome
SeqID n° 1489	LM-2902.2	From 1301551	to 1302453	unknown, similar to integrase/recombinase
SeqID n° 1490	LM-2903.2	From 1299964	to 1301268	unknown, similar glucose inhibited division protein A
SeqID n° 1491	LM-2907.2	From 1297823	to 1299901	unknown, highly similar to DNA topoisomerase I TopA
SeqID n° 1492	LM-2908.2	From 1296691	to 1297551	Unknown, similar to polypeptide deformylase, similar to B. subtilis Smf protein

SeqID n° 1493	LM-2909.1	From 1295772	to 1296557	unknown, similar to ribonuclease H rnh
SeqID n° 1494	LM-291.1	From 2824079	to 2824651	Unknown, similar to glutamine amidotransferase
SeqID n° 1495	LM-2910.1	From 1294912	to 1295775	unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YIqF protein
SeqID n° 1496	LM-2911.1	From 1294360	to 1294902	Unknown, similar to signal peptidase I
SeqID n° 1497	LM-2912.2	From 1293689	to 1294258	Unknown, similar to signal peptidase I
SeqID n° 1498	LM-2914.2	From 1498096	to 1500252	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1499	LM-2915.1	From 1500268	to 1501227	Unknown, similar to phosphate starvation induced protein PhoH
SeqID n° 1500	LM-2916.1	From 1501415	to 1501861	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1501	LM-2917.1	From 1502252	to 1503019	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1502	LM-2918.1	From 1503020	to 1503964	Unknown, similar to ribosomal protein L11 methyltransferase
SeqID n° 1503	LM-292.1	From 2824648	to 2826354	Unknown, similar to para-aminobenzoate synthase component I
SeqID n° 1504	LM-2921.1	From 1504037	to 1505170	heat shock protein DnaJ
SeqID n° 1505	LM-2922.1	From 1505312	to 1507153	class I heat-shock protein (molecular chaperone) DnaK
SeqID n° 1506	LM-2924.1	From 1507187	to 1507762	heat shock protein GrpE
SeqID n° 1507	LM-2925.1	From 1507804	to 1508841	transcription repressor of class I heat-shock gene HrcA
SeqID n° 1508	LM-2926.1	From 1508988	to 1510145	unknown, highly similar to coproporphyrinogen III oxidase
SeqID n° 1509	LM-2928.1	From 1510234	to 1511262	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 1510	LM-2929.1	From 1511375	to 1511812	Unknown, similar to transcriptional regulator (MerR family)
SeqID n° 1511	LM-2931.3	From 1511858	to 1513684	unknown, highly similar to GTP-binding protein LepA
SeqID n° 1512	LM-2932.2	From 2535342	to 2536268	Unknown, similar to dipeptidases
SeqID n° 1513	LM-2933.1	From 2533840	to 2535183	RNA polymerase sigma-54 factor (sigma-L)
SeqID n° 1514	LM-2935.1	From 2532352	to 2533398	Unknown, similar to B. subtilis CggR hypothetical transcriptional regulator

SeqID n° 1515	LM-2936.1	From 2531310	to 2532320	unknown, highly similar to glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase
SeqID n° 1516	LM-2937.1	From 2529985	to 2531175	unknown, highly similar to phosphoglycerate kinase
SeqID n° 1517	LM-2939.1	From 2529184	to 2529939	unknown, highly similar to triose phosphate isomerase
SeqID n° 1518	LM-294.1	From 2826515	to 2828236	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1519	LM-2942.1	From 2527650	to 2529182	unknown, highly similar to phosphoglycerate mutase
SeqID n° 1520	LM-2944.2	From 2526222	to 2527514	unknown, highly similar to enolase
SeqID n° 1521	LM-2945.1	From 2525946	to 2526119	Unknown
SeqID n° 1522	LM-2946.2	From 2525094	to 2525813	Unknown, similar to lipolytic enzyme
SeqID n° 1523	LM-2950.2	From 316873	to 318375	Unknown, similar to heat-shock protein htrA serine protease
SeqID n° 1524	LM-2952.1	From 315945	to 316775	Unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YycJ protein
SeqID n° 1525	LM-2953.1	From 314984	to 315823	Unknown, similar to B. subtilis YycI protein
SeqID n° 1526	LM-2954.1	From 313659	to 314981	Unknown, similar to B. subtilis YycH protein
SeqID n° 1527	LM-2957.1	From 311830	to 313662	Unknown, similar to two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 1528	LM-2958.1	From 310932	to 311645	Unknown, similar to two-component response regulator
SeqID n° 1529	LM-2959.2	From 309538	to 310719	Unknown, similar to aminotransferase
SeqID n° 1530	LM-296.1	From 2828236	to 2830008	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1531	LM-2960.3	From 2692097	to 2693041	unknown, highly similar to RNA polymerase (alpha subunit)
SeqID n° 1532	LM-2962.2	From 2693151	to 2693540	ribosomal protein S11
SeqID n° 1533	LM-2964.2	From 2693563	to 2693928	ribosomal protein S13
SeqID n° 1534	LM-2965.1	From 2694164	to 2694382	unknown, highly similar to initiation factor IF-I
SeqID n° 1535	LM-2967.1	From 2694769	to 2695416	unknown, highly similar to adenylate kinases
SeqID n° 1536	LM-2968.1	From 2695476	to 2696771	unknown, highly similar to preprotein translocase subunit
SeqID n° 1537	LM-297.1	From 2830284	to 2830523	Unknown

SeqID n° 1538	LM-2970.1	From 2696771	to 2697211	ribosomal protein L15
SeqID n° 1539	LM-2972.1	From 2697463	to 2697966	ribosomal protein S5
SeqID n° 1540	LM-2973.1	From 2697988	to 2698347	ribosomal protein L18
SeqID n° 1541	LM-2974.1	From 2698387	to 2698923	ribosomal protein L6
SeqID n° 1542	LM-2975.1	From 2698954	to 2699352	ribosomal protein S8
SeqID n° 1543	LM-2977.1	From 2699600	to 2700139	ribosomal protein L5
SeqID n° 1544	LM-2979.1	From 2700166	to 2700477	ribosomal protein L24
SeqID n° 1545	LM-298.1	From 2830542	to 2831879	Unknown, similar to D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (penicillin-binding protein 5)
SeqID n° 1546	LM-2981.1	From 2700515	to 2700883	ribosomal protein L14
SeqID n° 1547	LM-2983.1	From 2701435	to 2701869	ribosomal protein L16
SeqID n° 1548	LM-2984.1	From 2701872	to 2702528	ribosomal protein S3
SeqID n° 1549	LM-2985.2	From 2702532	to 2702888	ribosomal protein L22
SeqID n° 1550	LM-2986.2	From 2702909	to 2703187	ribosomal protein S19
SeqID n° 1551	LM-2990.2	From 1593100	to 1594407	unknown, highly similar to glutamyl-tRNA reductase
SeqID n° 1552	LM-2991.1	From 1592167	to 1593096	unknown, highly similar to porphobilinogen deaminases (hydroxymethylbilane synthase)
SeqID n° 1553	LM-2992.1	From 1591448	to 1592170	Unknown, similar to uroporphyrinogen III cosynthase (HemD)
SeqID n° 1554	LM-2993.1	From 1590477	to 1591451	unknown, highly similar to delta-aminolevulinic acid dehydratases (porphobilinogen synthase)
SeqID n° 1555	LM-2995.1	From 1589175	to 1590464	unknown, highly similar to glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminotransferases
SeqID n° 1556	LM-2997.1	From 1586201	to 1588852	valyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1557	LM-2999.2	From 1584850	to 1586139	unknown, similar to Folyl-polyglutamate synthetase
SeqID n° 1558	LM-3.1	From 2712931	to 2713365	Unknown
SeqID n° 1559	LM-3000.1	From 1583928	to 1584638	Unknown, similar to B. subtilis late competence protein ComC (type IV prepilin peptidase)
SeqID n° 1560	LM-3001.1	From 1583242	to 1583916	Unknown, similar to DNA repair protein RadC
SeqID n° 1561	LM-3004.1	From 1581777	to 1582790	unknown, similar to cell-shape determining protein MreB
SeqID n° 1562	LM-3005.1	From 1580804	to 1581691	unknown, similar to cell-shape determining protein MreC
SeqID n° 1563	LM-3006.1	From 1580283	to 1580801	unknown, similar to cell-shape determining protein MreD

SeqID n° 1564	LM-3007.2	From 1579428	to 1580105	unknown, similar to cell-division inhibition (septum placement) protein MinC
SeqID n° 1565	LM-301.1	From 2832058	to 2833725	Unknown, similar to acylase and diesterase
SeqID n° 1566	LM-3010.1	From 1149406	to 1149720	unknown, highly similar to TN916 ORF23
SeqID n° 1567	LM-3011.1	From 1149011	to 1149385	unknown, highly similar to TN916 ORF22
SeqID n° 1568	LM-3012.1	From 1147603	to 1149003	unknown, highly similar to TN916 ORF21
SeqID n° 1569	LM-3013.1	From 1146228	to 1147412	unknown, highly similar to TN916 ORF20
SeqID n° 1570	LM-3014.1	From 1145941	to 1146231	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1571	LM-3016.1	From 1145211	to 1145711	unknown, highly similar to TN916 ORF18
SeqID n° 1572	LM-3017.1	From 1144533	to 1144928	unknown, highly similar to TN916 ORF17
SeqID n° 1573	LM-3018.1	From 1142099	to 1144549	unknown, highly similar to TN916 ORF16
SeqID n° 1574	LM-3020.1	From 1139940	to 1142099	unknown, highly similar to TN916 ORF15
SeqID n° 1575	LM-3022.1	From 1138930	to 1139940	unknown, highly similar to TN916 ORF14 and to <i>L. monocytogenes</i> P60 protein
SeqID n° 1576	LM-3023.1	From 1137997	to 1138914	unknown, highly similar to TN916 ORF13
SeqID n° 1577	LM-3024.1	From 1137533	to 1137868	unknown, similar to cadmium efflux system accessory proteins
SeqID n° 1578	LM-3025.3	From 1254459	to 1254722	unknown, similar to <i>B. subtilis</i> YshA protein
SeqID n° 1579	LM-3027.3	From 1253379	to 1254311	unknown, similar to <i>B. subtilis</i> ribonuclease HIII
SeqID n° 1580	LM-3028.1	From 1252667	to 1253341	Unknown, similar to uracil-DNA glycosylase
SeqID n° 1581	LM-3029.1	From 1249360	to 1252560	unknown; similar to transporter, (to <i>B. subtilis</i> YdgH protein)
SeqID n° 1582	LM-3030.1	From 1248892	to 1249344	unknown; similar to transcriptional regulator (MarR family).
SeqID n° 1583	LM-3031.2	From 1245384	to 1248794	unknown, similar to different proteins
SeqID n° 1584	LM-3032.2	From 1244669	to 1245370	unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding proteins
SeqID n° 1585	LM-3035.2	From 1608166	to 1609923	unknown, highly similar to pyruvate kinases

SeqID n° 1586	LM-3036.1	From 1607671	to 1608048	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1587	LM-3037.1	From 1607053	to 1607514	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1588	LM-3038.1	From 1605895	to 1607016	unknown, highly similar to citrate synthase subunit II
SeqID n° 1589	LM-3039.1	From 1604613	to 1605875	unknown, highly similar to isocitrate dehydrogenases
SeqID n° 1590	LM-304.1	From 2833834	to 2835987	Unknown, similar to DNA topoisomerase III
SeqID n° 1591	LM-3041.1	From 1601820	to 1604447	DNA polymerase I
SeqID n° 1592	LM-3042.1	From 1600975	to 1601796	unknown, highly similar to formamidopyrimidine-DNA glycosylases
SeqID n° 1593	LM-3043.2	From 1600356	to 1600958	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1594	LM-3044.2	From 1875574	to 1876560	Unknown, similar to FtsY of E. coli and SRP receptor alpha-subunit
SeqID n° 1595	LM-3049.1	From 1876575	to 1880135	Unknown, similar to Smc protein essential for chromosome condensation and partition
SeqID n° 1596	LM-3050.1	From 1880158	to 1880847	Unknown, similar to ribonuclease III
SeqID n° 1597	LM-3053.1	From 1881381	to 1882124	Unknown, similar to 3-ketoacyl-acyl carrier protein reductase
SeqID n° 1598	LM-3054.1	From 1882128	to 1883069	Unknown, similar to malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase
SeqID n° 1599	LM-3056.1	From 1883062	to 1884075	Unknown, similar to plsX protein involved in fatty acid/phospholipid synthesis
SeqID n° 1600	LM-3058.2	From 1884096	to 1884665	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1601	LM-3059.2	From 817914	to 818762	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1602	LM-3062.1	From 813451	to 817878	Unknown
SeqID n° 1603	LM-3065.3	From 811813	to 813189	Unknown, similar to amino acid transporter
SeqID n° 1604	LM-3066.2	From 2159224	to 2159604	Unknown
SeqID n° 1605	LM-3067.1	From 2157949	to 2159094	unknown
SeqID n° 1606	LM-3068.1	From 2157383	to 2157844	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1607	LM-3069.1	From 2156694	to 2157386	Unknown, similar to glycoprotease
SeqID n° 1608	LM-307.1	From 2836011	to 2837783	Unknown, similar to ATP-dependent DNA helicases

SeqID n° 1609	LM-3070.1	From 2156242	to 2156697	Unknown, similar to ribosomal protein alanine acetyltransferase
SeqID n° 1610	LM-3072.1	From 2155223	to 2156245	Unknown, similar to glycoprotein endopeptidase
SeqID n° 1611	LM-3073.1	From 2153720	to 2154679	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1612	LM-3074.1	From 2151744	to 2153696	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1613	LM-3075.1	From 2150786	to 2151433	Unknown, similar to a putative DNA binding proteins
SeqID n° 1614	LM-3076.2	From 2149868	to 2150554	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1615	LM-3077.2	From 992978	to 993886	unknown, similar to proteases
SeqID n° 1616	LM-3080.1	From 993900	to 995126	unknown, similar to proteases
SeqID n° 1617	LM-3081.1	From 995210	to 995767	unknown, Listeria epitope LemA
SeqID n° 1618	LM-3083.1	From 995790	to 996704	unknown, similar to putative heat shock protein HtpX, Listeria epitope LemB
SeqID n° 1619	LM-3084.1	From 996739	to 997557	unknown, similar to B. subtilis YjbH protein
SeqID n° 1620	LM-3085.1	From 997795	to 998379	unknown, similar to B. subtilis YjbK protein
SeqID n° 1621	LM-3086.2	From 998396	to 998863	unknown
SeqID n° 1622	LM-3087.2	From 999022	to 999690	unknown, similar to B. subtilis YjbM protein
SeqID n° 1623	LM-3088.1	From 999722	to 1000516	unknown, similar to conserved hypothetical proteins like to B. subtilis YjbN protein
SeqID n° 1624	LM-3089.1	From 1000535	to 1001425	unknown, similar to ribosomal large subunit pseudouridine synthetase
SeqID n° 1625	LM-309.2	From 2837944	to 2839410	Unknown, similar to inosine-monophosphate dehydrogenase
SeqID n° 1626	LM-3090.1	From 1001503	to 1002291	unknown, similar to enoyl-acyl-carrier protein reductase
SeqID n° 1627	LM-3091.1	From 1002319	to 1003593	DltD protein for D-alanine esterification of lipoteichoic acid and wall teichoic acid

SeqID n° 1628	LM-3092.1	From 1003855	to 1005039	DltB protein for D-alanine esterification of lipoteichoic acid and wall teichoic acid
SeqID n° 1629	LM-3093.2	From 1005036	to 1006568	D-alanine-activating enzyme (dae), D-alanine-D-alanyl carrier protein ligase (dcl)
SeqID n° 1630	LM-3095.2	From 1364031	to 1364570	unknown, similar to 5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase
SeqID n° 1631	LM-3097.1	From 1364669	to 1366207	unknown similar to B. subtilis yqgP
SeqID n° 1632	LM-3098.1	From 1366457	to 1367425	Unknown, similar to glucose kinase
SeqID n° 1633	LM-3099.1	From 1367559	to 1368650	unknown, similar to B. subtilis YqgU protein
SeqID n° 1634	LM-3100.1	From 1368668	to 1368985	Unknown, weakly similar to B. subtilis comG operon protein 7 (comGG)
SeqID n° 1635	LM-3101.1	From 1368982	to 1369449	Unknown, similar to B. subtilis comG operon protein 6
SeqID n° 1636	LM-3102.1	From 1369412	to 1369696	Unknown, similar to comG operon protein 5 (comGE)
SeqID n° 1637	LM-3103.1	From 1369683	to 1370111	Unknown, similar to comG operon protein 4 (comGD)
SeqID n° 1638	LM-3104.1	From 1370108	to 1370431	Unknown, similar to B. subtilis comG operon protein 3
SeqID n° 1639	LM-3105.1	From 1370445	to 1371476	Unknown, similar to B. subtilis comG operon protein 2
SeqID n° 1640	LM-3106.1	From 1371454	to 1372476	Unknown, similar to B. subtilis comG operon protein 1
SeqID n° 1641	LM-3107.1	From 1373015	to 1374103	Unknown, similar to aminomethyltransferase
SeqID n° 1642	LM-3110.3	From 1374119	to 1375465	Unknown, similar to glycine dehydrogenase (decarboxylating) subunit 1
SeqID n° 1643	LM-3111.1	From 1375462	to 1376928	Unknown, similar to glycine dehydrogenase (decarboxylating) subunit 2
SeqID n° 1644	LM-3112.1	From 1376968	to 1377348	unknown
SeqID n° 1645	LM-3113.1	From 1377410	to 1377682	Unknown
SeqID n° 1646	LM-3114.2	From 1377695	to 1378660	Unknown, similar to B. subtilis YqhQ protein
SeqID n° 1647	LM-3115.3	From 1962698	to 1963243	unknown, similar to conserved hypothetical proteins



SeqID n° 1648	LM-3116.2	From 1962225	to 1962566	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 1649	LM-3119.1	From 1960496	to 1961644	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1650	LM-312.1	From 130652	to 131380	Unknown, similar to autolysin: N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase
SeqID n° 1651	LM-3120.1	From 1958968	to 1960476	unknown, similar to probable thermostable carboxypeptidases
SeqID n° 1652	LM-3121.1	From 1958162	to 1958740	unknown, similar to xanthine phosphoribosyltransferase
SeqID n° 1653	LM-3124.1	From 1956848	to 1958155	unknown, similar to probable permeases
SeqID n° 1654	LM-3126.1	From 1955598	to 1956656	unknown, similar to chitinases
SeqID n° 1655	LM-3127.2	From 1955205	to 1955474	unknown, similar to ribosomal protein S14
SeqID n° 1656	LM-3128.3	From 1954255	to 1955127	unknown, similar to 5'-3' exonuclease
SeqID n° 1657	LM-3129.1	From 248555	to 249013	Unknown, highly similar to transcription repressor of class III stress genes (CtsR)
SeqID n° 1658	LM-313.1	From 130249	to 130671	Unknown, similar to a protein from Bacteriophage phi-105 (ORF 45)
SeqID n° 1659	LM-3130.1	From 249026	to 249544	Unknown, similar to B. subtilis YacH protein
SeqID n° 1660	LM-3131.1	From 249541	to 250563	Unknown, similar to arginine kinase
SeqID n° 1661	LM-3135.1	From 250592	to 253054	endopeptidase Clp ATP-binding chain C
SeqID n° 1662	LM-3136.2	From 253200	to 254573	unknown, similar to DNA repair protein Sms
SeqID n° 1663	LM-3139.2	From 254707	to 255780	Unknown, highly similar to B. subtilis YacL protein
SeqID n° 1664	LM-314.1	From 129694	to 130230	Unknown, weakly similar to protein gp20 from Bacteriophage A118
SeqID n° 1665	LM-3140.2	From 255800	to 256498	Unknown, similar to nucleotidyl transferase; pyrophosphorylase
SeqID n° 1666	LM-3141.2	From 348586	to 349065	Unknown
SeqID n° 1667	LM-3142.2	From 349326	to 350228	Unknown, similar to transcriptional regulators
SeqID n° 1668	LM-3143.1	From 350392	to 351264	Unknown, similar to transcriptional regulators
SeqID n° 1669	LM-3147.1	From 355643	to 356323	Unknown

SeqID n° 1670	LM-3149.2	From 2602249	to 2602683	Unknwon, similar to hydroxymyristoyl-(acyl carrier protein) dehydratase
SeqID n° 1671	LM-315.1	From 129218	to 129697	Unknwon
SeqID n° 1672	LM-3150.1	From 2601632	to 2601997	Unknown, similar to single-strand DNA-binding protein
SeqID n° 1673	LM-3151.1	From 2600408	to 2601241	Unknwon, similar to hypothetical cell wall binding protein from B. subtilis
SeqID n° 1674	LM-3152.1	From 2599548	to 2600282	Unknown, similar to B. subtilis TagA protein involved in polyglycerol phosphate biosynthesis
SeqID n° 1675	LM-3153.1	From 2598423	to 2599547	Unknwon, similar to B. subtilis O-succinylbenzoate-CoA synthase (MenC)
SeqID n° 1676	LM-3154.1	From 2597363	to 2598415	Unknown, similar to B. subtilis TagO teichoic acid linkage unit synthesis protein
SeqID n° 1677	LM-3155.1	From 2596266	to 2597324	Unknown, similar to B. subtilis putative transcriptional regulator LytR
SeqID n° 1678	LM-3156.1	From 2595485	to 2596090	unknwon
SeqID n° 1679	LM-3157.1	From 2594908	to 2595543	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1680	LM-3158.1	From 2593837	to 2594523	Unknown, similar to B. subtilis two-component response regulator DegU
SeqID n° 1681	LM-3159.1	From 2592965	to 2593816	Unknown, similar to B. subtilis YviA (DegV) protein
SeqID n° 1682	LM-316.1	From 128628	to 129203	unknown
SeqID n° 1683	LM-3162.1	From 2591451	to 2592770	unknown, similar to late competence protein comFA
SeqID n° 1684	LM-3163.2	From 2590802	to 2591458	unknown, similar to late competence protein comFC
SeqID n° 1685	LM-3164.2	From 2590044	to 2590607	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins like to B. subtilis YvyD protein
SeqID n° 1686	LM-3167.1	From 2020738	to 2021256	Unknown, similar to similar to acyl-CoA hydrolase
SeqID n° 1687	LM-3168.1	From 2021272	to 2023062	Unknown, similar to two-component sensor histidine kinase (ResE)

SeqID n° 1688	LM-3169.1	From 2023163	to 2023879	Unknown, similar to two-component response regulator (ResD)
SeqID n° 1689	LM-317.1	From 128314	to 128613	Unknown
SeqID n° 1690	LM-3171.1	From 2024062	to 2024796	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1691	LM-3172.1	From 2024799	to 2025395	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1692	LM-3174.1	From 2025392	to 2026141	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1693	LM-3177.1	From 2026157	to 2027467	Unknown, similar to diaminopimelate decarboxylase
SeqID n° 1694	LM-3178.1	From 2027648	to 2028466	Unknown, similar to purine-nucleoside phosphorylase
SeqID n° 1695	LM-3179.2	From 2028485	to 2029669	Unknown, similar to phosphopentomutase
SeqID n° 1696	LM-3181.2	From 2029698	to 2030591	Unknown, similar to integrase/recombinase
SeqID n° 1697	LM-3184.2	From 635317	to 636423	Unknown, similar to homoserine O-acetyltransferase
SeqID n° 1698	LM-3186.1	From 636440	to 637717	Unknown, similar to O-acetylhomoserine sulfhydrylase
SeqID n° 1699	LM-3188.1	From 638165	to 638692	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1700	LM-3189.1	From 638781	to 639482	Unknown, similar to transcription regulator CRP/FNR family
SeqID n° 1701	LM-319.1	From 127188	to 128324	Unknown, similar to protein gp18 from Bacteriophage A118
SeqID n° 1702	LM-3190.2	From 639558	to 640106	Unknown, similar to proteins involved in biotin metabolism (BioY)
SeqID n° 1703	LM-3191.2	From 1537815	to 1538501	Unknown, similar to two-component response regulators
SeqID n° 1704	LM-3192.1	From 1538498	to 1539937	Unknown, similar to two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 1705	LM-3194.1	From 1539979	to 1542375	Unknown, similar to exodeoxyribonuclease V
SeqID n° 1706	LM-3195.1	From 1542403	to 1543041	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1707	LM-3196.1	From 1543082	to 1543822	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1708	LM-3198.1	From 1543940	to 1545055	Unknown, similar to putative tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-

## methyltransferase

SeqID n° 1709	LM-32.1	From 2733230	to 2735245	Unknown, similar to transketolase
SeqID n° 1710	LM-3200.2	From 1545074	to 1546222	Unknown, similar to iron-sulfur cofactor synthesis protein
SeqID n° 1711	LM-3201.2	From 1527422	to 1527904	Unknown, similar to transcription elongation factor GreA
SeqID n° 1712	LM-3203.2	From 1526748	to 1527371	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1713	LM-3204.1	From 1525997	to 1526698	Unknown, similar to 5 -methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase
SeqID n° 1714	LM-3205.1	From 1524154	to 1525962	Unknown, similar to oligopeptidase
SeqID n° 1715	LM-3206.2	From 1523471	to 1523992	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1716	LM-3208.2	From 1522374	to 1523474	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1717	LM-3209.1	From 1521533	to 1522354	Unknown, similar to shikimate 5-dehydrogenase (AroD)
SeqID n° 1718	LM-321.1	From 126360	to 127178	Unknown, similar to phage proteins
SeqID n° 1719	LM-3210.1	From 1521243	to 1521533	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1720	LM-3211.1	From 1520659	to 1521225	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1721	LM-3212.1	From 1520097	to 1520672	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1722	LM-3213.1	From 1519736	to 1520092	Unknown
SeqID n° 1723	LM-3214.1	From 1518950	to 1519681	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1724	LM-3215.1	From 1518245	to 1518847	Unknown, similar to integral membrane protein ComEA
SeqID n° 1725	LM-3216.1	From 1517613	to 1518173	Unknown, similar to B. subtilis ComEB protein
SeqID n° 1726	LM-3217.2	From 1515356	to 1517578	Unknown, similar to putative integral membrane protein ComEC specifically required for DNA uptake but not for binding
SeqID n° 1727	LM-3218.2	From 1418803	to 1420095	Unknown, similar to putative proteases

SeqID n° 1728	LM-3220.1	From 1417735	to 1418685	Unknown, similar to sugar ABC transporter, permease protein
SeqID n° 1729	LM-3221.1	From 1416686	to 1417738	Unknown, similar to permease proteins
SeqID n° 1730	LM-3223.1	From 1415152	to 1416693	Unknown, similar to sugar ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1731	LM-3226.3	From 1413646	to 1414719	Unknown, CD4+ T cell-stimulating antigen, lipoprotein
SeqID n° 1732	LM-3228.3	From 1412455	to 1413294	Unknown, similar to pyrroline-5-carboxylate reductase
SeqID n° 1733	LM-3231.1	From 1410148	to 1412421	Unknown, similar to DNA translocase
SeqID n° 1734	LM-3234.2	From 843311	to 843724	Unknown, similar to E. coli PhnB protein
SeqID n° 1735	LM-3235.1	From 842781	to 843287	Unknown, similar to B. subtilis regulatory protein PaiA
SeqID n° 1736	LM-3237.1	From 842313	to 842765	unknown, similar to transcription regulators
SeqID n° 1737	LM-3239.1	From 841157	to 842086	unknown, similar to oxidoreductases
SeqID n° 1738	LM-324.1	From 124495	to 126363	unknown, similar to bacteriophage minor tail proteins
SeqID n° 1739	LM-3241.1	From 840200	to 841072	unknown, similar to fructokinases
SeqID n° 1740	LM-3243.3	From 839520	to 840062	unknown
SeqID n° 1741	LM-3244.3	From 838751	to 839452	unknown, similar to carbonic anhydrase
SeqID n° 1742	LM-3246.1	From 837548	to 838621	Unknown, similar to spermidine/putrescine-binding protein
SeqID n° 1743	LM-3248.1	From 836745	to 837551	unknown, similar to spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein
SeqID n° 1744	LM-3249.1	From 835939	to 836748	unknown, similar to spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein
SeqID n° 1745	LM-3250.1	From 834845	to 835939	unknown, similar to spermidine/putrescine ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1746	LM-3251.2	From 834287	to 834829	unknown, similar to transcription regulator

SeqID n° 1747	LM-3252.2	From 1724612	to 1725565	unknown, similar to ABC transporter and adhesion proteins
SeqID n° 1748	LM-3254.1	From 1725584	to 1726993	similar to O-succinylbenzoic acid-CoA ligase
SeqID n° 1749	LM-3255.1	From 1727009	to 1727827	unknown, similar to dihydroxynapthoic acid synthetase
SeqID n° 1750	LM-3256.1	From 1727824	to 1728651	unknown, similar to prolyl aminopetidases
SeqID n° 1751	LM-3258.1	From 1728653	to 1730395	unknown, similar to 2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase / 2-oxoglutarate decarboxylase
SeqID n° 1752	LM-326.1	From 124104	to 124508	unknown
SeqID n° 1753	LM-3260.2	From 1730392	to 1731780	unknown, similar to menaquinone-specific isochorismate synthase
SeqID n° 1754	LM-3261.2	From 2308741	to 2311464	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1755	LM-3262.1	From 2311461	to 2312696	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1756	LM-3263.1	From 2312839	to 2313192	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1757	LM-3265.1	From 2313274	to 2314407	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1758	LM-3266.1	From 2314511	to 2315878	Unknown, similar to fumarate hydratase
SeqID n° 1759	LM-3267.1	From 2315948	to 2316742	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1760	LM-3268.1	From 2316739	to 2317644	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1761	LM-3269.2	From 2317950	to 2320094	Unknown, similar to penicillin-binding protein
SeqID n° 1762	LM-3274.2	From 558526	to 560187	Unknown, similar to putative sulfate transporter
SeqID n° 1763	LM-3275.1	From 558037	to 558480	Unknown, similar to B. subtilis YybC protein
SeqID n° 1764	LM-3276.1	From 557178	to 557930	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1765	LM-3278.1	From 555660	to 556976	Unknown, similar to 6-phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 1766	LM-328.1	From 123760	to 124062	Unknown
SeqID n° 1767	LM-3281.1	From 554624	to 555628	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1768	LM-3283.2	From 553078	to 554493	Unknown, similar to multidrug resistance protein

SeqID n° 1769	LM-3284.1	From 514004	to 514381	Unknown, putative secreted protein
SeqID n° 1770	LM-3285.1	From 514681	to 515058	Unknown, putative secreted protein
SeqID n° 1771	LM-3286.1	From 515391	to 515750	Unknown, putative secreted protein
SeqID n° 1772	LM-3288.1	From 516076	to 516636	Unknown
SeqID n° 1773	LM-329.1	From 123200	to 123712	antigen A
SeqID n° 1774	LM-3290.1	From 516746	to 518446	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1775	LM-3292.1	From 518597	to 519700	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins, highly similar to B. subtilis YloN protein
SeqID n° 1776	LM-3293.1	From 519789	to 520268	Unknown
SeqID n° 1777	LM-3294.2	From 520426	to 520791	Unknown
SeqID n° 1778	LM-3296.2	From 1561538	to 1561882	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1779	LM-3298.1	From 1559081	to 1561432	Unknown, similar to single-stranded-DNA-specific exonuclease (RecJ)
SeqID n° 1780	LM-3299.1	From 1558570	to 1559091	unknown, similar to adenine phosphoribosyltransferase
SeqID n° 1781	LM-330.1	From 122798	to 123187	antigen B
SeqID n° 1782	LM-3301.1	From 1556148	to 1558364	unknown, similar to (p)ppGpp synthetase
SeqID n° 1783	LM-3302.1	From 1555680	to 1556132	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1784	LM-3303.2	From 1554360	to 1555643	Unknown, similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase
SeqID n° 1785	LM-3305.2	From 2279524	to 2279919	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1786	LM-3306.1	From 2280238	to 2281206	Unknown, similar to oligopeptide ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1787	LM-3307.1	From 2281203	to 2282279	Unknown, similar to oligopeptide ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1788	LM-3309.1	From 2282297	to 2283331	Unknown, similar to oligopeptide ABC transporter (permease)
SeqID n° 1789	LM-331.1	From 122104	to 122520	unknown, similar to Antigen C
SeqID n° 1790	LM-3310.1	From 2283331	to 2284260	Unknown, similar to oligopeptide ABC transporter (permease)
SeqID n° 1791	LM-3312.2	From 2284539	to 2286215	Unknown, similar to pheromone binding protein

SeqID n° 1792	LM-3315.1	From 1528098	to 1528727	unknown, similar to Uridine kinase
SeqID n° 1793	LM-3316.1	From 1528724	to 1529377	Unknown, similar to O-methyltransferase
SeqID n° 1794	LM-3319.1	From 1529454	to 1530524	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1795	LM-332.1	From 121664	to 122092	unknown, similar to Antigen D
SeqID n° 1796	LM-3320.1	From 1530727	to 1531353	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1797	LM-3321.1	From 1531398	to 1531700	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1798	LM-3322.1	From 1531716	to 1532132	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1799	LM-3323.1	From 1532129	to 1532401	Unknown
SeqID n° 1800	LM-3326.1	From 1532493	to 1535132	alanyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1801	LM-3327.1	From 1535439	to 1536134	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1802	LM-3329.2	From 1536143	to 1537648	Unknown, similar to transporter
SeqID n° 1803	LM-333.1	From 121112	to 121447	Unknown, similar to putative repressor C1 from lactococcal bacteriophage Tuc2009
SeqID n° 1804	LM-3330.2	From 512291	to 513268	Unknown, similar to oxetanocin A resistance protein oxrB
SeqID n° 1805	LM-3331.1	From 511966	to 512208	Unknown
SeqID n° 1806	LM-3332.1	From 511215	to 511562	Unknown
SeqID n° 1807	LM-3333.1	From 510163	to 511212	Unknown
SeqID n° 1808	LM-3334.1	From 509400	to 510287	Unknown
SeqID n° 1809	LM-3335.2	From 507723	to 508733	Unknown
SeqID n° 1810	LM-3336.3	From 506368	to 506997	Unknown, weakly similar to site-specific DNA-methyltransferase
SeqID n° 1811	LM-3337.3	From 505351	to 506223	Unknown
SeqID n° 1812	LM-3338.2	From 1487699	to 1489579	DNA primase
SeqID n° 1813	LM-3339.1	From 1489599	to 1490039	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1814	LM-334.1	From 120654	to 121106	Unknown, similar to protein gp35 from Bacteriophage A118
SeqID n° 1815	LM-3340.1	From 1490229	to 1491053	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1816	LM-3341.1	From 1491087	to 1493153	Unknown, similar to glycyl-tRNA synthetase beta chain
SeqID n° 1817	LM-3342.1	From 1493146	to 1494036	Unknown, similar to glycyl-tRNA synthetase alpha chain



SeqID n° 1818	LM-3343.1	From 1494317	to 1495084	Unknown, similar to B. subtilis RecO protein involved in DNA repair and homologous recombination
SeqID n° 1819	LM-3344.1	From 1495221	to 1495850	Unknown
SeqID n° 1820	LM-3345.1	From 1495899	to 1496804	Unknown, similar to GTP binding proteins
SeqID n° 1821	LM-3347.1	From 1496801	to 1497196	Unknown, similar to cytidine deaminase
SeqID n° 1822	LM-3348.1	From 1497221	to 1497616	Unknown, similar to diacylglycerol kinase
SeqID n° 1823	LM-3349.1	From 1497594	to 1498079	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1824	LM-335.1	From 119740	to 120435	Unknown, weakly similar to transcription regulators, Fnr/Crp family
SeqID n° 1825	LM-3355.1	From 2012582	to 2013727	Unknown, similar to similar to ribosomal protein S1 like protein
SeqID n° 1826	LM-3356.1	From 2014086	to 2014760	Unknown, similar to cytidylate kinase
SeqID n° 1827	LM-3357.1	From 2014776	to 2015738	Unknown, similar to asparaginase
SeqID n° 1828	LM-3359.1	From 2015819	to 2016538	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1829	LM-336.1	From 119063	to 119770	Unknown
SeqID n° 1830	LM-3360.1	From 2016858	to 2018261	Unknown, similar to ATP-dependent DNA helicase
SeqID n° 1831	LM-3361.2	From 2018258	to 2019265	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1832	LM-3362.2	From 2019420	to 2019644	Unknown, similar to ferredoxin
SeqID n° 1833	LM-3363.3	From 2019686	to 2020297	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1834	LM-3364.2	From 1867802	to 1869460	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1835	LM-3371.2	From 1872724	to 1873620	Unknown, similar to protein-tyrosine phosphatase
SeqID n° 1836	LM-3373.2	From 1873764	to 1875116	Unknown, similar to signal recognition particle protein Ffh
SeqID n° 1837	LM-3374.2	From 1875129	to 1875461	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1838	LM-3375.2	From 1358834	to 1359103	ribosomal protein S15
SeqID n° 1839	LM-3376.1	From 1359352	to 1361523	polynucleotide phosphorylase (PNPase)
SeqID n° 1840	LM-3377.1	From 1361564	to 1362604	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1841	LM-3378.2	From 1362765	to 1363244	unknown, similar to B. subtilis YqzC protein

SeqID n° 1842	LM-3379.2	From 1363272	to 1363628	unknown, similar to B. subtilis YqzD protein
SeqID n° 1843	LM-338.1	From 117841	to 118956	Unknown, similar to lipase
SeqID n° 1844	LM-3380.2	From 1918681	to 1919505	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1845	LM-3381.1	From 1919525	to 1920436	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1846	LM-3382.1	From 1920436	to 1920900	unknown, highly similar to signal peptidase II
SeqID n° 1847	LM-3384.1	From 1920982	to 1922265	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1848	LM-3385.1	From 1922439	to 1923809	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1849	LM-3387.1	From 1923825	to 1924757	unknown, similar to adhesion binding proteins and lipoproteins with multiple specificity for metal cations
SeqID n° 1850	LM-3389.1	From 1924754	to 1925596	unknown, similar to integral membrane proteins, ABC transporter
SeqID n° 1851	LM-3390.3	From 1925600	to 1926322	unknown, similar to probable ABC transporter, ATP-binding proteins
SeqID n° 1852	LM-3391.3	From 262657	to 263262	RNA polymerase sigma-30 factor (sigma-H)
SeqID n° 1853	LM-3392.1	From 262064	to 262576	Unknown, similar to B. subtilis Yacp protein
SeqID n° 1854	LM-3393.1	From 261306	to 262061	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins like to B. subtilis YacO protein
SeqID n° 1855	LM-3394.1	From 260896	to 261306	Unknown, highly similar to B. subtilis YazC protein
SeqID n° 1856	LM-3398.1	From 259477	to 260892	cysteinyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1857	LM-340.1	From 116972	to 117805	Unknown, similar to transcriptional regulatory proteins, AraC family
SeqID n° 1858	LM-3400.1	From 258856	to 259470	unknown, similar to serine O-acetyltransferase
SeqID n° 1859	LM-3403.3	From 256983	to 258458	unknown, highly similar to glutamyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1860	LM-3404.3	From 256491	to 256964	Unknown, similar to B. subtilis YacN protein
SeqID n° 1861	LM-3405.2	From 1862459	to 1862893	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1862	LM-3406.2	From 1862893	to 1863480	Unknown, weakly similar to Nad(P)h Oxidoreductase chain B

SeqID n° 1863	LM-3407.1	From 1863501	to 1864217	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1864	LM-3408.1	From 1864248	to 1864637	Unknown
SeqID n° 1865	LM-3409.1	From 1864657	to 1865394	Unknown, similar to E. coli tRNA (guanine-N1) methyltransferase
SeqID n° 1866	LM-3410.1	From 1865394	to 1865912	Unknown, similar to putative 16S rRNA processing protein RimM
SeqID n° 1867	LM-3411.1	From 1865922	to 1866308	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1868	LM-3412.1	From 1866336	to 1867070	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1869	LM-3414.2	From 1867427	to 1867699	ribosomal protein S16
SeqID n° 1870	LM-3415.4	From 1723649	to 1724122	unknown, some similarity to hypothetical proteins
SeqID n° 1871	LM-3416.3	From 1723356	to 1723598	unknown, some similarity to hypothetical proteins
SeqID n° 1872	LM-3417.3	From 1722431	to 1723339	unknown, similar to L-lactate dehydrogenases
SeqID n° 1873	LM-342.1	From 115087	to 116829	Unknown, ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1874	LM-3420.4	From 1716858	to 1717160	unknown
SeqID n° 1875	LM-3421.2	From 1748792	to 1749733	unknown; similar to glycerate dehydrogenases
SeqID n° 1876	LM-3422.1	From 1749878	to 1751176	glutamate-1-semialdehyde aminotransferase
SeqID n° 1877	LM-3424.1	From 1751283	to 1752371	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 1878	LM-3426.1	From 1752413	to 1752940	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 1879	LM-3427.1	From 1753095	to 1753841	unknown, similar to glucose 1-dehydrogenase
SeqID n° 1880	LM-3428.1	From 1753845	to 1754942	unknown, similar to A/G-specific adenine glycosylase
SeqID n° 1881	LM-3429.1	From 1755143	to 1756123	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 1882	LM-343.1	From 113313	to 115094	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 1883	LM-3430.2	From 1756156	to 1756617	unknown, similar to deoxyuridine triphosphate nucleotidohydrolases
SeqID n° 1884	LM-3431.2	From 2891269	to 2891652	Unknown, hypothetical secreted protein
SeqID n° 1885	LM-3432.2	From 2890779	to 2891171	Unknown, hypothetical secreted protein
SeqID n° 1886	LM-3433.1	From 2890274	to 2890666	Unknown, hypothetical secreted protein
SeqID n° 1887	LM-3434.1	From 2888994	to 2890277	Unknown
SeqID n° 1888	LM-3436.1	From 2888639	to 2889001	Unknown

SeqID n° 1889	LM-3439.2	From 2887499	to 2888215	GidB protein unknown, similar to Glutamine binding and transport protein
SeqID n° 1890	LM-3442.2	From 885440	to 886882	
SeqID n° 1891	LM-3444.1	From 886875	to 887603	unknown, similar to amino acid ABC transporter, ATP- binding protein
SeqID n° 1892	LM-3445.2	From 887652	to 889502	Unknown, similar to amidases
SeqID n° 1893	LM-3447.3	From 2068977	to 2069648	Unknown, similar to deoxyribose-phosphate aldolase
SeqID n° 1894	LM-3448.1	From 2069710	to 2070657	Unknown, similar to transcription repressor of dra/nupC/pdp operon DeoR
SeqID n° 1895	LM-3449.1	From 2070754	to 2071170	Unknown, similar to PTS mannose-specific enzyme IIA component
SeqID n° 1896	LM-345.1	From 112386	to 113288	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1897	LM-3450.1	From 2071187	to 2072182	Unknown, similar to opine catabolism protein
SeqID n° 1898	LM-3451.1	From 2072205	to 2073269	Unknown, weakly similar to glucosamine-fructose-6- phosphate aminotransferase
SeqID n° 1899	LM-3452.1	From 2073282	to 2074103	Unknown, similar to mannose-specific enzyme IID component
SeqID n° 1900	LM-3453.1	From 2074084	to 2074902	Unknown, similar to PTS mannose-specific enzyme IIC component
SeqID n° 1901	LM-3455.1	From 2074925	to 2075392	Unknown, similar to PTS mannose-specific enzyme IIB component
SeqID n° 1902	LM-3456.2	From 2075412	to 2076113	Unknown, similar to transcription regulator GntR family
SeqID n° 1903	LM-3458.2	From 2076115	to 2076846	Unknown, similar to transcription regulator GntR family
SeqID n° 1904	LM-3459.2	From 607372	to 608199	Unknown, similar histidinol phosphate phosphatase
SeqID n° 1905	LM-3460.1	From 608184	to 608480	Unknown, similar to methyltransferase
SeqID n° 1906	LM-3461.1	From 608557	to 609588	Unknown
SeqID n° 1907	LM-3462.2	From 609629	to 610924	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1908	LM-3463.2	From 1776257	to 1776829	unknown
SeqID n° 1909	LM-3465.1	From 1774991	to 1775983	unknown, similar to cell- shape determining proteins

SeqID n° 1910	LM-3466.1	From 1773514	to 1774773	unknown, similar to multidrug resistance protein, integral membrane protein
SeqID n° 1911	LM-3468.3	From 1772178	to 1773410	unknown, highly similar to aminopeptidases
SeqID n° 1912	LM-3469.2	From 833117	to 833587	Unknown
SeqID n° 1913	LM-3473.1	From 831025	to 833073	Unknown, similar to putative Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> antiporter
SeqID n° 1914	LM-3475.1	From 830259	to 830897	Unknown, weakly similar to GTP-pyrophosphokinase
SeqID n° 1915	LM-3479.2	From 827666	to 828016	Unknown, similar to B. subtilis YqkB protein
SeqID n° 1916	LM-3480.3	From 826752	to 827513	Unknown
SeqID n° 1917	LM-3481.2	From 2011128	to 2012438	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1918	LM-3482.1	From 2010089	to 2011105	Unknown, similar to NAD(P)H-dependent glycerol-3-phosphate dehydrogenase
SeqID n° 1919	LM-3483.2	From 2009006	to 2009986	Unknown, similar to protein-tyrosine/serine phosphatase
SeqID n° 1920	LM-3484.1	From 2008319	to 2008594	Unknown, similar to non-specific DNA-binding protein HU
SeqID n° 1921	LM-3485.1	From 2007515	to 2008084	Unknown, similar to GTP cyclohydrolase I
SeqID n° 1922	LM-3486.1	From 2006689	to 2007456	Unknown, similar to heptaprenyl diphosphate synthase component I
SeqID n° 1923	LM-3487.1	From 2005953	to 2006666	Unknown, similar to 2-heptaprenyl-1,4-naphthoquinone methyltransferase
SeqID n° 1924	LM-3488.1	From 2004977	to 2005942	Unknown, similar to heptaprenyl diphosphate synthase component II (menaquinone biosynthesis)
SeqID n° 1925	LM-3489.2	From 2004515	to 2004958	Unknown, similar to nucleoside diphosphate kinase
SeqID n° 1926	LM-349.1	From 110013	to 112283	Unknown, highly similar to chitinase B
SeqID n° 1927	LM-3490.2	From 1029208	to 1029819	unknown, similar to hypothetical protein
SeqID n° 1928	LM-3491.1	From 1029965	to 1030756	unknown
SeqID n° 1929	LM-3493.3	From 1030757	to 1032229	unknown, similar to PHYTOENE DEHYDROGENASE (EC 1.3.-.-) (PHYTOENE

## DESATURASE)

SeqID n° 1930	LM-3494.3	From 1032333	to 1032617	unknown, similar to B. subtilis protein YkvS
SeqID n° 1931	LM-3495.3	From 1032924	to 1033190	PHOSPHOCARRIER PROTEIN HPR (HISTIDINE-CONTAINING PROTEIN).
SeqID n° 1932	LM-3497.4	From 1033190	to 1034908	phosphotransferase system enzyme I
SeqID n° 1933	LM-3498.1	From 1035021	to 1036055	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 1934	LM-35.1	From 2735279	to 2735953	Unknown, similar to ribulose-5-phosphate 3-epimerase
SeqID n° 1935	LM-3500.1	From 1036068	to 1036928	unknown, similar to 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase (B. subtilis YkwC protein)
SeqID n° 1936	LM-3501.2	From 1036971	to 1038116	unknown, similar to aminotransferases (to B. subtilis PatA protein)
SeqID n° 1937	LM-3504.2	From 641208	to 642308	Unknown, similar to cell surface protein
SeqID n° 1938	LM-3505.1	From 642414	to 642914	Unknown, weakly similar to transcription regulator
SeqID n° 1939	LM-3506.1	From 642962	to 643348	Unknown
SeqID n° 1940	LM-3507.1	From 643400	to 643744	Unknown, similar to B. subtilis YvIA protein
SeqID n° 1941	LM-3508.2	From 643891	to 645231	Unknown, conserved hypothetical membrane protein
SeqID n° 1942	LM-351.2	From 109349	to 109720	Unknown
SeqID n° 1943	LM-3510.2	From 2145652	to 2146044	Unknown
SeqID n° 1944	LM-3511.1	From 2146089	to 2146298	Unknown
SeqID n° 1945	LM-3512.1	From 2146449	to 2147426	Unknown, similar to conjugated bile acid hydrolase
SeqID n° 1946	LM-3514.2	From 2147684	to 2149312	class I heat-shock protein (chaperonin) GroEL
SeqID n° 1947	LM-3517.2	From 1888615	to 1890273	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 1948	LM-3518.1	From 1887913	to 1888575	Unknown, similar to phosphoglycerate dehydrogenase
SeqID n° 1949	LM-3519.1	From 1886887	to 1887777	Unknown, similar to L-serine dehydratase
SeqID n° 1950	LM-352.2	From 108624	to 109256	Unknown, similar to NADH oxidase
SeqID n° 1951	LM-3520.2	From 1884846	to 1886894	Unknown, similar to ATP-dependent DNA helicase

## recG

SeqID n° 1952	LM-3523.1	From 2143109	to 2144734	Unknown, similar to copper export proteins
SeqID n° 1953	LM-3524.1	From 2142480	to 2143097	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1954	LM-3525.1	From 2141820	to 2142461	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1955	LM-3527.1	From 2141071	to 2141814	Unknown, similar to potassium channel subunit
SeqID n° 1956	LM-3528.2	From 2140046	to 2140963	Unknown, similar to heme O oxygenase
SeqID n° 1957	LM-353.1	From 108320	to 108610	Unknown
SeqID n° 1958	LM-3533.1	From 1053426	to 1054277	unknown
SeqID n° 1959	LM-3534.1	From 1054319	to 1055284	unknown, similar to B. subtilis LytR protein
SeqID n° 1960	LM-3535.1	From 1055393	to 1057060	unknown, similar to conserved hypothetical proteins (in particular B. subtilis YkqC)
SeqID n° 1961	LM-3537.1	From 1057761	to 1058531	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1962	LM-3538.3	From 1058580	to 1059608	unknown, similar to transcriptional regulator, LacI family
SeqID n° 1963	LM-3539.1	From 2286839	to 2287183	Unknown
SeqID n° 1964	LM-354.1	From 107915	to 108208	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1965	LM-3541.1	From 2287518	to 2288513	tryptophanyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1966	LM-3543.1	From 2288571	to 2288987	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1967	LM-3544.1	From 2288971	to 2289423	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 1968	LM-3547.1	From 2289545	to 2290786	Unknown, similar to 3-oxoacyl-acyl-carrier protein synthase
SeqID n° 1969	LM-3549.2	From 2290989	to 2291927	Unknown, similar to 3-oxoacyl-acyl-carrier protein synthase
SeqID n° 1970	LM-355.1	From 107499	to 107849	Unknown
SeqID n° 1971	LM-3551.1	From 1242100	to 1244508	phenylalanyl-tRNA synthetase beta subunit
SeqID n° 1972	LM-3553.2	From 1241048	to 1242100	phenylalanyl-tRNA synthetase beta subunit
SeqID n° 1973	LM-3555.2	From 2305632	to 2305994	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1974	LM-3556.1	From 2305180	to 2305602	Unknown, similar to histidine triad (HIT) protein

SeqID n° 1975	LM-3557.1	From 2304267	to 2305019	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 1976	LM-3558.1	From 2303060	to 2304283	Unknown, similar to ABC transporter (membrane protein)
SeqID n° 1977	LM-3559.1	From 2302518	to 2303021	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1978	LM-356.1	From 106988	to 107377	unknown
SeqID n° 1979	LM-3560.1	From 2301260	to 2302321	Unknown, similar to uroporphyrinogen III decarboxylase
SeqID n° 1980	LM-3561.1	From 2300334	to 2301263	Unknown, similar to ferrochelataase
SeqID n° 1981	LM-3562.2	From 2299833	to 2300177	Unknown
SeqID n° 1982	LM-3563.2	From 1548034	to 1548456	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 1983	LM-3565.2	From 1548701	to 1549906	Unknown, similar to ammonium transporter NrgA
SeqID n° 1984	LM-3566.1	From 1549920	to 1550285	Unknown, similar to nitrogen regulatory PII protein
SeqID n° 1985	LM-3567.1	From 1550435	to 1550815	Unknown
SeqID n° 1986	LM-3569.1	From 1550854	to 1552629	aspartyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1987	LM-357.1	From 105951	to 106862	Unknown, similar to PTS system mannose-specific, factor IID
SeqID n° 1988	LM-3570.2	From 1552632	to 1553909	histidyl-tRNA synthetase
SeqID n° 1989	LM-3571.4	From 1713234	to 1715099	unknown, similar to asparagine synthetase
SeqID n° 1990	LM-3572.1	From 1712634	to 1713209	unknown, similar to conserved hypothetical protein
SeqID n° 1991	LM-3573.2	From 1711672	to 1712637	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 1992	LM-3574.3	From 896003	to 897028	unknown, similar to transcription regulator lacI family
SeqID n° 1993	LM-3576.1	From 895278	to 895991	unknown, similar to carboxylesterase
SeqID n° 1994	LM-3577.1	From 893838	to 895211	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate-D-alanyl-D-alanyl ligase
SeqID n° 1995	LM-3578.1	From 892662	to 893774	D-alanine--D-alanine ligase
SeqID n° 1996	LM-3579.1	From 892192	to 892512	Unknown, similar to E. coli SugE protein (transmembrane chaperone)



SeqID n° 1997	LM-358.1	From 105123	to 105929	Unknown, similar to PTS system mannose-specific, factor IIC
SeqID n° 1998	LM-3581.1	From 891848	to 892189	Unknown, similar to E. coli SugE protein (transmembrane chaperone)
SeqID n° 1999	LM-3582.1	From 891277	to 891831	Unknown, similar to transcription regulator TetR/AcrR family
SeqID n° 2000	LM-3583.3	From 890439	to 891197	Unknown
SeqID n° 2001	LM-3585.2	From 1926935	to 1928425	unknown, similar to carboxy-terminal processing proteinase
SeqID n° 2002	LM-3588.1	From 1928798	to 1931011	unknown, similar to heavy metal-transporting ATPases
SeqID n° 2003	LM-3589.1	From 1931026	to 1931319	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2004	LM-359.1	From 104134	to 105099	Unknown, similar to PTS system mannose-specific, factor IIA B
SeqID n° 2005	LM-3590.2	From 1931442	to 1932266	unknown, similar to similar to D-alanyl-D-alanine carboxypeptidases
SeqID n° 2006	LM-3591.3	From 1932324	to 1933025	purine nucleoside phosphorylase
SeqID n° 2007	LM-3592.2	From 2487261	to 2488337	Unknown
SeqID n° 2008	LM-3593.1	From 2488379	to 2489209	Unknown, conserved lipoprotein
SeqID n° 2009	LM-3596.1	From 2489274	to 2489948	Unknown, similar to ABC transporter, permease protein
SeqID n° 2010	LM-3597.1	From 2489945	to 2490967	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2011	LM-3599.1	From 2491552	to 2492694	Unknown, similar to two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 2012	LM-36.1	From 2735962	to 2736402	Unknown, similar to ribose 5-phosphate epimerase
SeqID n° 2013	LM-360.1	From 103204	to 103836	unknown
SeqID n° 2014	LM-3600.1	From 2492684	to 2493379	Unknown, similar to two-component response regulator
SeqID n° 2015	LM-3601.3	From 2493454	to 2494329	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2016	LM-3602.2	From 1435635	to 1437866	pyruvate formate-lyase
SeqID n° 2017	LM-3603.1	From 1437943	to 1438689	pyruvate-formate lyase activating enzyme

SeqID n° 2018	LM-3604.1	From 1438724	to 1439254	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2019	LM-3605.2	From 1439421	to 1440614	Unknown, similar to multidrug-efflux transporter
SeqID n° 2020	LM-3608.2	From 1104863	to 1105864	unknown, similar to TEICHOIC ACID TRANSLOCATION ATP-BINDING PROTEIN TAGH (ABC transporter)
SeqID n° 2021	LM-361.1	From 102468	to 103028	unknown
SeqID n° 2022	LM-3612.1	From 1107975	to 1109663	unknown, similar to TEICHOIC ACID BIOSYNTHESIS PROTEIN B PRECURSOR
SeqID n° 2023	LM-3613.1	From 1109705	to 1110577	unknown, similar to putative UDP-glucose pyrophosphorylases
SeqID n° 2024	LM-3614.3	From 1110769	to 1113627	unknown, similar to B. subtilis YfhO protein
SeqID n° 2025	LM-3615.2	From 1277312	to 1278025	Unknown, similar to transcription regulator GntR family
SeqID n° 2026	LM-3616.1	From 1278056	to 1279702	Unknown, similar to alpha,alpha-phosphotrehalase
SeqID n° 2027	LM-3617.3	From 1279721	to 1281205	Unknown, similar to PTS system trehalose specific enzyme IIBC
SeqID n° 2028	LM-3618.3	From 1434661	to 1435209	Unknown, similar to putative anti-terminator regulatory protein
SeqID n° 2029	LM-362.1	From 102155	to 102478	Unknown, similar to ATP synthase epsilon chain
SeqID n° 2030	LM-3620.2	From 1432839	to 1434644	DNA mismatch repair protein
SeqID n° 2031	LM-3623.1	From 1430237	to 1432819	DNA mismatch repair (recognition)
SeqID n° 2032	LM-3624.2	From 1429765	to 1430127	Unknown, similar to B. subtilis YmcA protein
SeqID n° 2033	LM-3625.2	From 758656	to 759396	Unknown, similar to riboflavin kinase / FAD synthase
SeqID n° 2034	LM-3626.2	From 756738	to 758543	Unknown, similar to L-glutamine-D-fructose-6-phosphate amidotransferase
SeqID n° 2035	LM-3627.2	From 598020	to 598925	Unknown, putative membrane protein
SeqID n° 2036	LM-3628.2	From 598968	to 600344	Unknown, similar to NADP-specific glutamate dehydrogenase

SeqID n° 2037	LM-363.1	From 100772	to 102142	Unknown, similar to ATP synthase beta chain
SeqID n° 2038	LM-3630.4	From 134782	to 136290	Unknown, similar to inosine monophosphate dehydrogenase
SeqID n° 2039	LM-3631.2	From 133961	to 134710	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2040	LM-3632.2	From 2292047	to 2293174	Unknown, similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase and to internalin B
SeqID n° 2041	LM-3633.1	From 2293775	to 2294464	Unknown, similar to phosphoglyceromutase 1
SeqID n° 2042	LM-3635.2	From 2294555	to 2297155	Unknown, similar to endopeptidase Clp ATP-binding chain B (ClpB)
SeqID n° 2043	LM-3636.2	From 1281321	to 1281773	unknown
SeqID n° 2044	LM-3637.1	From 1281820	to 1282284	unknown
SeqID n° 2045	LM-3638.1	From 1282473	to 1283393	unknown
SeqID n° 2046	LM-3639.1	From 1283413	to 1284660	gamma-glutamyl phosphate reductase
SeqID n° 2047	LM-364.1	From 99902	to 100771	unknown, similar to ATP synthase gamma chain
SeqID n° 2048	LM-3640.1	From 1284644	to 1285474	gamma-glutamyl kinase
SeqID n° 2049	LM-3643.3	From 1285610	to 1286749	unknown
SeqID n° 2050	LM-3644.4	From 1286830	to 1287225	unknown, similar to transcriptional regulator (phage-related)
SeqID n° 2051	LM-3645.2	From 1765915	to 1767294	unknown, similar to similar to RNA methyltransferases
SeqID n° 2052	LM-3647.1	From 1765499	to 1765900	unknown, similar to glutathione transferase - fosfomycin resistance protein
SeqID n° 2053	LM-3648.1	From 1765117	to 1765470	unknown
SeqID n° 2054	LM-3649.1	From 1763941	to 1764843	unknown, some similarities to methyl-accepting chemotaxis proteins
SeqID n° 2055	LM-3650.1	From 1763209	to 1763751	unknown, similar to ribosomal-protein-alanine N-acetyltransferase
SeqID n° 2056	LM-3652.2	From 1762200	to 1763165	unknown, similar to putative transmembrane proteins
SeqID n° 2057	LM-3656.2	From 2840286	to 2841896	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2058	LM-3657.2	From 2839698	to 2840228	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2059	LM-3658.1	From 1595227	to 1597149	threonyl-tRNA synthetase
SeqID n° 2060	LM-3659.1	From 1597499	to 1598422	primosome component (helicase loader) DnaI

SeqID n° 2061	LM-366.1	From 98409	to 99905	Unknwon, similar to ATP synthase alpha chain
SeqID n° 2062	LM-3660.2	From 1598432	to 1599808	chromosome replication initiation / membrane attachment protein DnaB
SeqID n° 2063	LM-3662.3	From 2708276	to 2709358	Unknown, conserved hypothetical lipoprotein
SeqID n° 2064	LM-3663.2	From 2707235	to 2708194	Unknown, weakly similar to E. coli MenA protein
SeqID n° 2065	LM-3664.1	From 2706415	to 2707215	Unknown, similar to B. subtilis YbaF protein
SeqID n° 2066	LM-3666.1	From 2705746	to 2706054	ribosomal protein S10
SeqID n° 2067	LM-3667.1	From 2705082	to 2705711	ribosomal protein L3
SeqID n° 2068	LM-3668.1	From 2704433	to 2705056	ribosomal protein L4
SeqID n° 2069	LM-3669.1	From 2704149	to 2704433	ribosomal protein L23
SeqID n° 2070	LM-367.1	From 97381	to 98412	Unknwon, weakly similar to ATP synthase delta chain
SeqID n° 2071	LM-3671.2	From 2703275	to 2704108	ribosomal protein L2
SeqID n° 2072	LM-3673.2	From 2033587	to 2034528	Unknown, similar to ferrichrome binding protein
SeqID n° 2073	LM-3674.1	From 2032460	to 2033485	Unknown, similar to ferrichrome ABC transporter (permease)
SeqID n° 2074	LM-3676.2	From 2031438	to 2032460	Unknown, similar to ferrichrome ABC transporter (permease)
SeqID n° 2075	LM-3677.2	From 1756864	to 1757673	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 2076	LM-3678.1	From 1757771	to 1758673	unknown, similar to CDP-abequose synthase
SeqID n° 2077	LM-3679.2	From 1758694	to 1761291	unknown, similar to putative membrane proteins
SeqID n° 2078	LM-368.1	From 97127	to 97369	Unknwon, similar to ATP synthase C chain
SeqID n° 2079	LM-3680.2	From 1761318	to 1761992	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2080	LM-3681.2	From 1708312	to 1708518	unknown
SeqID n° 2081	LM-3684.3	From 1708857	to 1711268	leucyl-tRNA synthetase
SeqID n° 2082	LM-3692.1	From 2161161	to 2162054	Unknown
SeqID n° 2083	LM-3693.1	From 2160538	to 2161164	unknown
SeqID n° 2084	LM-3694.1	From 2160043	to 2160432	Unknown, similar to unknown proetin
SeqID n° 2085	LM-3695.2	From 980177	to 981307	Unknown, similar to B. subtilis ComEC protein
SeqID n° 2086	LM-3696.1	From 981743	to 982960	unknown, hypothetical transport protein
SeqID n° 2087	LM-3697.2	From 982957	to 983646	unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 2088	LM-3698.2	From 983768	to 984814	unknown, conserved hypothetical membrane protein

SeqID n° 2089	LM-3699.2	From 2658024	to 2658851	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2090	LM-370.1	From 94764	to 97070	unknown
SeqID n° 2091	LM-3701.3	From 1936764	to 1937603	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 2092	LM-3703.3	From 1935964	to 1936749	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 2093	LM-3704.3	From 1935334	to 1935948	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 2094	LM-3705.1	From 1934765	to 1935298	unknown, similar to peptidyl methionine sulfoxide reductases
SeqID n° 2095	LM-3706.1	From 1934321	to 1934758	unknown, similar to transcriptional regulator (PilB family)
SeqID n° 2096	LM-3707.3	From 1933333	to 1934238	unknown, similar to dehydrogenases and hypothetical proteins
SeqID n° 2097	LM-3708.2	From 822611	to 823531	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2098	LM-3709.1	From 821886	to 822527	Unknown, similar to B. subtilis YwnB protein
SeqID n° 2099	LM-3710.1	From 821070	to 821771	Unknown, similar to conserved hypothetical protein
SeqID n° 2100	LM-3711.3	From 820145	to 821035	Unknown, similar to conserved hypothetical protein
SeqID n° 2101	LM-3712.2	From 1767359	to 1767739	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2102	LM-3713.1	From 1767846	to 1768490	unknown, similar to deoxyguanosine kinase/deoxyadenosine kinase(I) subunit
SeqID n° 2103	LM-3714.1	From 1768520	to 1769389	unknown, similar to transport proteins
SeqID n° 2104	LM-3715.1	From 1769720	to 1770526	unknown, similar to aminoglycoside N3 - acetyltransferases
SeqID n° 2105	LM-3716.2	From 1770648	to 1771406	unknown, similar to methionine aminopeptidases
SeqID n° 2106	LM-3717.2	From 1818007	to 1818516	Unknown
SeqID n° 2107	LM-3718.1	From 1817112	to 1817879	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2108	LM-3719.3	From 1815143	to 1817122	Unknown, similar to ABC transporter (permease)
SeqID n° 2109	LM-3720.2	From 1293088	to 1293654	unknown, similar to type-I signal peptidase

SeqID n° 2110	LM-3722.1	From 1291710	to 1292969	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX trigger factor (prolyl isomerase)
SeqID n° 2111	LM-3724.1	From 1290241	to 1291524	unknown
SeqID n° 2112	LM-3725.2	From 1289188	to 1290126	unknown, putative cell surface protein
SeqID n° 2113	LM-3726.3	From 1703330	to 1703824	unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2114	LM-3727.1	From 1704618	to 1705181	unknown
SeqID n° 2115	LM-3728.1	From 1705199	to 1705630	Unknown
SeqID n° 2116	LM-373.1	From 88888	to 94767	similar to translation elongation factor
SeqID n° 2117	LM-3732.2	From 1706204	to 1707088	30S ribosomal protein S2
SeqID n° 2118	LM-3733.3	From 1707168	to 1707917	Unknown, similar to general stress protein
SeqID n° 2119	LM-3735.3	From 1645412	to 1645936	3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase
SeqID n° 2120	LM-3736.3	From 1644106	to 1645191	catabolite control protein A
SeqID n° 2121	LM-3737.1	From 1642865	to 1643872	tyrosyl-tRNA synthetase
SeqID n° 2122	LM-3739.2	From 1641284	to 1642543	unknown
SeqID n° 2123	LM-374.1	From 88121	to 88810	Unknown, similar to N-acetyltransferase
SeqID n° 2124	LM-3746.2	From 1428442	to 1428939	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2125	LM-3747.1	From 1426766	to 1428328	Recombination protein recA
SeqID n° 2126	LM-3749.2	From 1425419	to 1426465	Unknown, similar to oxidoreductases
SeqID n° 2127	LM-375.1	From 86747	to 87730	Unknown, similar to transposase
SeqID n° 2128	LM-3750.2	From 356890	to 357705	Unknown
SeqID n° 2129	LM-3754.2	From 360172	to 360507	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2130	LM-3756.2	From 1407859	to 1408818	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2131	LM-3757.2	From 1406742	to 1407818	Unknown, similar to lysine-specific permease
SeqID n° 2132	LM-3758.2	From 824936	to 826396	Unknown
SeqID n° 2133	LM-3759.2	From 824423	to 824884	Unknown, similar to transcription regulator (merR family)
SeqID n° 2134	LM-376.1	From 86323	to 86691	Unknown, similar to multidrug-efflux transporter
SeqID n° 2135	LM-3763.1	From 1659457	to 1660926	Unknown, similar to transcription regulator MarR family
SeqID n° 2136	LM-3764.1	From 1660923	to 1661363	D-Amino Acid Aminotransferase
SeqID n° 2137	LM-3766.3	From 1661588	to 1662457	unknown
SeqID n° 2138	LM-3767.2	From 2212384	to 2212620	

SeqID n° 2139	LM-3768.2	From 2213218	to 2215041	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2140	LM-3769.2	From 2306177	to 2306716	Unknown
SeqID n° 2141	LM-377.1	From 85902	to 86228	Unknown
SeqID n° 2142	LM-3770.2	From 2306833	to 2307714	Unknown, similar to post-translocation molecular chaperone
SeqID n° 2143	LM-3772.2	From 2307755	to 2308696	Unknown, similar to S. aureus Cbf1 protein
SeqID n° 2144	LM-3774.3	From 991810	to 992865	unknown, similar to UNDECAPRENYL-PHOSPHATE N-ACETYLGLUCOSAMINYL TRANSFERASE
SeqID n° 2145	LM-3775.1	From 990968	to 991690	unknown, similar to transcription regulator (GntR family)
SeqID n° 2146	LM-3776.2	From 990248	to 990952	GLUCOSAMINE-6-PHOSPHATE ISOMERASE (EC 5.3.1.10) (GLUCOSAMINE-6-PHOSPHATE DEAMINASE) (GNPDA) (GLCN6P DEAMINASE). ribosomal protein L19
SeqID n° 2147	LM-3778.2	From 1861907	to 1862251	internalin C
SeqID n° 2148	LM-3779.3	From 1860200	to 1861090	Unknown
SeqID n° 2149	LM-378.1	From 85025	to 85627	Unknown
SeqID n° 2150	LM-3783.2	From 989099	to 990232	N-ACETYLGLUCOSAMINE-6-PHOSPHATE DEACETYLASE (EC 3.5.1.25) (GLCNAC 6-P DEACETYLASE).
SeqID n° 2151	LM-3785.2	From 988065	to 988910	unknown
SeqID n° 2152	LM-379.1	From 84451	to 84849	Unknown
SeqID n° 2153	LM-3790.3	From 1420076	to 1421362	Unknown, similar to putative protease
SeqID n° 2154	LM-3791.2	From 1778415	to 1779482	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 2155	LM-3792.1	From 1777763	to 1778338	unknown, similar to putative transcription regulators
SeqID n° 2156	LM-3793.2	From 1776910	to 1777578	unknown, similar to hypothetical proteins
SeqID n° 2157	LM-3795.3	From 1421454	to 1422185	Unknown, similar to 3-ketoacyl-acyl carrier protein reductase
SeqID n° 2158	LM-3797.2	From 1422236	to 1423165	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2159	LM-3798.1	From 1423255	to 1423833	Unknown, similar to phosphatidylglycerophosphate synthase
SeqID n° 2160	LM-380.1	From 82959	to 84437	Unknown

SeqID n° 2161	LM-3800.3	From 1423902	to 1425146	Unknown, similar to competence-damage inducible protein CinA
SeqID n° 2162	LM-3801.3	From 984823	to 985722	unknown
SeqID n° 2163	LM-3802.4	From 985743	to 986564	unknown
SeqID n° 2164	LM-3806.3	From 1578625	to 1579425	unknown, highly similar to cell division inhibitor (septum placement) protein MinD
SeqID n° 2165	LM-3807.3	From 1577212	to 1578573	Unknown, similar to ribonuclease G
SeqID n° 2166	LM-3808.2	From 2298927	to 2299712	Unknown
SeqID n° 2167	LM-3809.2	From 2298093	to 2298863	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2168	LM-3810.3	From 333534	to 335195	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2169	LM-3811.3	From 335350	to 336426	Unknown
SeqID n° 2170	LM-3812.3	From 1662570	to 1663982	Unknown, similar to Xaa-His dipeptidase
SeqID n° 2171	LM-3818.1	From 2211280	to 2212245	Unknown, similar to transcription regulator, LacI family
SeqID n° 2172	LM-3819.1	From 2210609	to 2211244	Unknown
SeqID n° 2173	LM-382.1	From 81661	to 82617	Unknown, similar to phosphoglycerate dehydrogenase
SeqID n° 2174	LM-3821.1	From 2159697	to 2160053	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2175	LM-3822.1	From 2149348	to 2149632	class I heat-shock protein (chaperonin) GroES
SeqID n° 2176	LM-3823.3	From 2943120	to 2943479	ribonuclease P protein component
SeqID n° 2177	LM-3825.4	From 2943871	to 2944341	hypothetical protein
SeqID n° 2178	LM-3826.1	From 1240358	to 1240681	unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2179	LM-383.1	From 80892	to 81530	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2180	LM-3845.2	From 979762	to 980064	unknown, similar to B. subtilis YneR protein
SeqID n° 2181	LM-3846.1	From 979059	to 979529	non-heme iron-binding ferritin
SeqID n° 2182	LM-3847.1	From 940316	to 940696	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2183	LM-3848.1	From 1357753	to 1358697	unknown, highly similar to riboflavin kinase and FAD synthase
SeqID n° 2184	LM-385.1	From 79817	to 80869	Unknown, similar to E. coli Ada protein (O6-methylguanine-DNA methyltransferase)
SeqID n° 2185	LM-3851.1	From 1378840	to 1379901	Unknown, similar to aminopeptidase P



SeqID n° 2186	LM-3853.2	From 501693	to 501959	Unknown, weakly similar to transposase
SeqID n° 2187	LM-3856.2	From 1953836	to 1954237	unknown, similar to similar to RNase HI
SeqID n° 2188	LM-3857.1	From 1963240	to 1963605	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2189	LM-3858.2	From 2030744	to 2031196	Unknown, similar to transcriptional regulator (Fur family)
SeqID n° 2190	LM-386.1	From 79047	to 79820	Unknown, similar to carboxyphosphoenolpyruvate phosphonmutase
SeqID n° 2191	LM-3863.2	From 2494891	to 2495268	Unknown, similar to glycine cleavage system protein H
SeqID n° 2192	LM-3865.2	From 200094	to 200402	Unknown, similar to B. subtilis SpoVG protein
SeqID n° 2193	LM-3867.1	From 1890288	to 1890653	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2194	LM-3868.2	From 1428945	to 1429748	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2195	LM-3869.2	From 1440748	to 1441296	Unknown
SeqID n° 2196	LM-387.1	From 78362	to 78811	Unknown
SeqID n° 2197	LM-3871.1	From 2100845	to 2101366	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2198	LM-3872.1	From 2100224	to 2100751	Unknown, similar to cell-division initiation protein (septum placement)
SeqID n° 2199	LM-3873.1	From 2891649	to 2892032	Unknown, hypothetical secreted protein
SeqID n° 2200	LM-3876.1	From 520961	to 521536	Unknown
SeqID n° 2201	LM-3878.2	From 640625	to 641215	Unknown
SeqID n° 2202	LM-3879.2	From 640300	to 640632	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2203	LM-388.1	From 78090	to 78374	unknown
SeqID n° 2204	LM-3883.1	From 1664057	to 1664470	Unknown, weakly similar to E. coli MutT protein (dGTP pyrophosphohydrolase)
SeqID n° 2205	LM-3886.1	From 1702695	to 1703315	unknown, putative cell surface protein
SeqID n° 2206	LM-3887.1	From 1038336	to 1038557	unknown
SeqID n° 2207	LM-3889.1	From 2524168	to 2524911	Unknown, similar to carboxylesterase
SeqID n° 2208	LM-389.1	From 77149	to 77406	unknown
SeqID n° 2209	LM-3890.1	From 2523835	to 2524068	Unknown
SeqID n° 2210	LM-3891.1	From 1724196	to 1724462	unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2211	LM-3893.1	From 611240	to 612634	Unknown, similar to beta-glucosidase
SeqID n° 2212	LM-3896.1	From 1546608	to 1547885	Unknown, similar to unknown protein

SeqID n° 2213	LM-3897.3	From 1514257	to 1515288	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2214	LM-3898.1	From 1594535	to 1595119	Unknown, similar to hypothetical GTP binding protein
SeqID n° 2215	LM-39.1	From 2736597	to 2737628	Unknown, similar to polyol dehydrogenase
SeqID n° 2216	LM-390.3	From 76262	to 76984	unknown
SeqID n° 2217	LM-3902.4	From 1715236	to 1716435	Unknown, similar to S-methionine adenosyltransferase
SeqID n° 2218	LM-3904.3	From 819389	to 820039	Unknown
SeqID n° 2219	LM-3905.2	From 502899	to 504629	Unknown
SeqID n° 2220	LM-3907.1	From 1234779	to 1235330	unknown
SeqID n° 2221	LM-3908.1	From 1234465	to 1234776	unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2222	LM-3910.2	From 1409070	to 1409996	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2223	LM-3912.1	From 2709522	to 2710421	Unknown, conserved lipoprotein
SeqID n° 2224	LM-3914.1	From 2297304	to 2297981	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2225	LM-3915.1	From 2145127	to 2145513	Unknown, similar to large conductance mechanosensitive channel protein
SeqID n° 2226	LM-392.3	From 75832	to 76125	unknown
SeqID n° 2227	LM-3922.2	From 987735	to 988049	Unknown
SeqID n° 2228	LM-3924.2	From 986722	to 987180	Unknown
SeqID n° 2229	LM-3929.1	From 833615	to 834076	unknown
SeqID n° 2230	LM-393.3	From 75342	to 75665	Unknown
SeqID n° 2231	LM-3934.1	From 356567	to 356872	Unknown, similar to transposase
SeqID n° 2232	LM-3942.3	From 2633930	to 2634850	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2233	LM-3943.4	From 1576107	to 1576397	ribosomal protein L27
SeqID n° 2234	LM-3944.4	From 1576411	to 1576728	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2235	LM-3947.1	From 1599814	to 1600278	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2236	LM-3949.2	From 1638420	to 1638908	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2237	LM-395.2	From 74239	to 75228	Unknown, similar to dinitrogenase reductase
SeqID n° 2238	LM-3950.2	From 1639120	to 1639722	ADP-ribosylation system
SeqID n° 2239	LM-3951.1	From 1640225	to 1641004	ribosomal protein S4
SeqID n° 2240	LM-3953.1	From 502424	to 502660	Unknown
SeqID n° 2241	LM-3954.2	From 504674	to 504997	Hypothetical orf
				Unknown

SeqID n° 2242	LM-3955.1	From 1307763	to 1308170	unknown, conserved hypothetical protein, similar to <i>B. subtilis</i> YneT protein
SeqID n° 2243	LM-3957.1	From 2360908	to 2361141	Unknown
SeqID n° 2244	LM-3958.1	From 2360435	to 2360713	Unknown, similar to competence transcription factor ComK, N terminal part
SeqID n° 2245	LM-3959.2	From 2359948	to 2360184	Unknown
SeqID n° 2246	LM-396.2	From 1859272	to 1859787	translation initiation factor IF-3
SeqID n° 2247	LM-3961.1	From 2494522	to 2494806	Unknown, similar to thioredoxin
SeqID n° 2248	LM-3966.4	From 1739674	to 1740849	unknown, similar to transmembrane transport proteins
SeqID n° 2249	LM-397.3	From 1858651	to 1859010	ribosomal protein L20
SeqID n° 2250	LM-3970.1	From 1933037	to 1933270	unknown, similar to hypothetical protein
SeqID n° 2251	LM-3972.2	From 818789	to 819265	Unknown, similar to transcription regulator (EbsC from <i>Enterococcus faecalis</i> )
SeqID n° 2252	LM-3973.2	From 1136900	to 1137400	Unknown, similar to lipoprotein signal peptidase
SeqID n° 2253	LM-3976.4	From 267530	to 267916	Unknown, similar to repressor (penicillinase repressor)
SeqID n° 2254	LM-3978.3	From 267010	to 267372	ribosomal protein L12
SeqID n° 2255	LM-3979.3	From 266431	to 266931	ribosomal protein L10
SeqID n° 2256	LM-398.1	From 1857856	to 1858611	Unknown, similar to 3'-exo-deoxyribonuclease exoA
SeqID n° 2257	LM-3981.1	From 2361897	to 2362274	protein gp30 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2258	LM-3982.1	From 2362306	to 2362656	protein gp29 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2259	LM-3984.1	From 270372	to 270977	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2260	LM-399.1	From 1857242	to 1857772	Unknown
SeqID n° 2261	LM-3990.1	From 222983	to 223261	Unknown, highly similar to <i>B. subtilis</i> YabO protein
SeqID n° 2262	LM-3993.1	From 200522	to 200830	Unknown, similar to <i>B. subtilis</i> SpoVG protein
SeqID n° 2263	LM-3995.1	From 143016	to 143258	unknown
SeqID n° 2264	LM-3998.1	From 823638	to 824168	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2265	LM-3999.3	From 810985	to 811620	Unknown, similar to acyl-carrier protein phosphodiesterase and to NAD(P)H dehydrogenase
SeqID n° 2266	LM-4.1	From 2713398	to 2713940	Unknown

SeqID n° 2267	LM-40.1	From 2737630	to 2738682	Unknown, similar to sorbitol dehydrogenase
SeqID n° 2268	LM-4003.2	From 1513917	to 1514171	ribosomal protein S20
SeqID n° 2269	LM-401.1	From 1855952	to 1857184	Unknown, similar to aminotripeptidase (peptidase T)
SeqID n° 2270	LM-4013.2	From 1926482	to 1926898	unknown, similar to transcriptional regulator (MarR family)
SeqID n° 2271	LM-4015.1	From 1771594	to 1772040	unknown, similar to putative flavodoxin
SeqID n° 2272	LM-402.1	From 1855571	to 1855933	Unknown
SeqID n° 2273	LM-4027.2	From 263535	to 263714	unknown, highly similar to preprotein translocase subunit
SeqID n° 2274	LM-4029.2	From 263844	to 264377	transcription antitermination factor
SeqID n° 2275	LM-403.1	From 1854748	to 1855521	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2276	LM-4031.1	From 264432	to 264902	Unknown
SeqID n° 2277	LM-4032.1	From 265029	to 265454	ribosomal protein L11
SeqID n° 2278	LM-4033.1	From 265494	to 266183	ribosomal protein L1
SeqID n° 2279	LM-404.1	From 1854077	to 1854682	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2280	LM-4040.1	From 504972	to 505277	Unknown
SeqID n° 2281	LM-4041.1	From 552563	to 552931	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2282	LM-4053.1	From 1270465	to 1270725	unknown
SeqID n° 2283	LM-4055.2	From 1288261	to 1288926	unknown, weakly similar to oligopeptide ABC transporter AppA
SeqID n° 2284	LM-4058.1	From 1405945	to 1406226	Unknown
SeqID n° 2285	LM-4059.1	From 1406366	to 1406713	Unknown
SeqID n° 2286	LM-4065.1	From 2045765	to 2046046	Unknown, similar to pentitol PTS system enzyme II B component
SeqID n° 2287	LM-4082.1	From 2782739	to 2782894	Unknown
SeqID n° 2288	LM-4083.1	From 2780577	to 2780798	Unknown
SeqID n° 2289	LM-4084.1	From 2780392	to 2780574	Unknown
SeqID n° 2290	LM-4088.1	From 2701254	to 2701445	ribosomal protein L29
SeqID n° 2291	LM-4089.1	From 2700963	to 2701226	ribosomal protein S17
SeqID n° 2292	LM-4090.1	From 2699383	to 2699568	ribosomal protein S14
SeqID n° 2293	LM-4091.1	From 2697267	to 2697446	ribosomal protein L30
SeqID n° 2294	LM-4096.1	From 367248	to 367532	Unknown
SeqID n° 2295	LM-4097.1	From 370416	to 370634	Unknown
SeqID n° 2296	LM-4098.1	From 389538	to 389717	Unknown, similar to conserved hypothetical protein
SeqID n° 2297	LM-4099.1	From 401386	to 401580	unknown

SeqID n° 2298	LM-41.1	From 2738719	to 2739990	Unknwon, similar to PTS system galactitol-specific enzyme IIC component
SeqID n° 2299	LM-4106.1	From 439009	to 439212	Unknown, similar to putative transcription regulator
SeqID n° 2300	LM-4113.1	From 521601	to 521771	ribosomal protein L32
SeqID n° 2301	LM-4115.1	From 616742	to 616951	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2302	LM-4118.1	From 669086	to 669361	Unknown
SeqID n° 2303	LM-4119.1	From 696606	to 696815	unknown
SeqID n° 2304	LM-4120.1	From 707310	to 707486	unknown
SeqID n° 2305	LM-4121.1	From 709601	to 709810	unknown
SeqID n° 2306	LM-4122.1	From 731765	to 732001	Unknown, weakly similar to flagellar switch protein
SeqID n° 2307	LM-4123.1	From 756079	to 756291	unknown, LPXTG motif protein
SeqID n° 2308	LM-4124.1	From 756494	to 756637	Hypothetical CDS
SeqID n° 2309	LM-4130.1	From 890069	to 890215	Unknown, hypothetical protein
SeqID n° 2310	LM-4134.1	From 961203	to 961469	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein (C-terminal part)
SeqID n° 2311	LM-4135.1	From 973509	to 973670	unknown
SeqID n° 2312	LM-4137.1	From 981317	to 981544	unknown
SeqID n° 2313	LM-4139.1	From 987274	to 987501	Unknown
SeqID n° 2314	LM-4142.1	From 1003593	to 1003829	D-alanyl carrier protein
SeqID n° 2315	LM-4144.1	From 1057067	to 1057276	unknown, similar to B. subtilis YkzG protein
SeqID n° 2316	LM-4147.1	From 1133466	to 1133696	unknown, highly similar to TN916 ORF8
SeqID n° 2317	LM-4148.1	From 1145723	to 1145944	unknown, highly similar to TN916 ORF19
SeqID n° 2318	LM-4149.2	From 1154864	to 1156381	unknown
SeqID n° 2319	LM-415.1	From 1848166	to 1848690	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2320	LM-4150.1	From 1188014	to 1188289	Unknwon, similar to carboxysome structural protein
SeqID n° 2321	LM-4152.2	From 1287376	to 1287591	unknown, similar to transcriptional regulator
SeqID n° 2322	LM-4153.1	From 1331439	to 1331666	unknown, similar to B. subtilis YnzC protein
SeqID n° 2323	LM-4154.1	From 1363826	to 1363975	ribosomal protein L33
SeqID n° 2324	LM-4155.1	From 1366220	to 1366432	unknown similar to B. subtilis yqgQ
SeqID n° 2325	LM-4157.1	From 1385704	to 1385931	Unknown, similar to exodeoxyribonuclease small subunit
SeqID n° 2326	LM-4158.1	From 1387014	to 1387214	Similar to cold shock protein
SeqID n° 2327	LM-4161.1	From 1501881	to 1502054	30S ribosomal protein S21

SeqID n° 2328	LM-4162.2	From 1576747	to 1577055	ribosomal protein L21
SeqID n° 2329	LM-4166.1	From 1654691	to 1654909	Unknown, hypothetical gene
SeqID n° 2330	LM-417.1	From 1847472	to 1847960	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase I
SeqID n° 2331	LM-4172.1	From 1756629	to 1756862	unknown
SeqID n° 2332	LM-4174.1	From 1764871	to 1765077	unknown
SeqID n° 2333	LM-4175.1	From 1769479	to 1769700	unknown
SeqID n° 2334	LM-4179.1	From 1859050	to 1859250	ribosomal protein L35
SeqID n° 2335	LM-418.1	From 1846355	to 1847479	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase II
SeqID n° 2336	LM-4180.1	From 1867180	to 1867410	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2337	LM-4181.1	From 1881041	to 1881274	unknown, highly similar to acyl carrier proteins
SeqID n° 2338	LM-4182.1	From 1890951	to 1891139	ribosomal protein L28
SeqID n° 2339	LM-4183.1	From 1902281	to 1902484	unknown
SeqID n° 2340	LM-4184.1	From 1928579	to 1928785	unknown, similar to putative mercuric ion binding proteins
SeqID n° 2341	LM-4186.1	From 1953513	to 1953713	similar to cold shock protein
SeqID n° 2342	LM-4189.1	From 2094877	to 2095077	similar to major cold-shock protein
SeqID n° 2343	LM-419.1	From 1845044	to 1846336	adenylosuccinate lyase
SeqID n° 2344	LM-4192.1	From 2144874	to 2145065	unknown
SeqID n° 2345	LM-4193.1	From 2150556	to 2150759	unknown
SeqID n° 2346	LM-4195.1	From 2184120	to 2184347	Unknown
SeqID n° 2347	LM-4197.1	From 2192379	to 2192609	Unknown
SeqID n° 2348	LM-420.1	From 1844250	to 1844963	phosphoribosylaminoimidazole succinocarboxamide synthetase
SeqID n° 2349	LM-4200.1	From 2234357	to 2234533	unknown
SeqID n° 2350	LM-4201.1	From 2242097	to 2242282	unknown, similar to B. subtilis YwmG protein
SeqID n° 2351	LM-4203.1	From 2293497	to 2293685	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2352	LM-4206.1	From 2346593	to 2346784	unknown,
SeqID n° 2353	LM-4207.1	From 2361582	to 2361791	unknown
SeqID n° 2354	LM-4208.1	From 2366288	to 2366446	protein gp22
SeqID n° 2355	LM-4209.1	From 2387499	to 2387663	[Bacteriophage A118]
SeqID n° 2356	LM-421.1	From 1843993	to 1844238	Bacteriophage A118 gp65 protein
SeqID n° 2357	LM-4210.1	From 2388528	to 2388710	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2358	LM-4211.1	From 2389208	to 2389387	Hypothetical protein
SeqID n° 2359	LM-4212.1	From 2389491	to 2389658	Unknown
SeqID n° 2360	LM-4213.1	From 2391020	to 2391217	unknown
SeqID n° 2361	LM-4214.1	From 2394790	to 2394984	Unknown
SeqID n° 2362	LM-4215.1	From 2395586	to 2395801	Unknown
				gp44 [Bacteriophage A118]

SeqID n° 2363	LM-4216.1	From 2398287	to 2398529	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 2364	LM-422.1	From 1843306	to 1843989	Unknown, similar to phosphoribosylformylglycin amidine synthetase II
SeqID n° 2365	LM-4225.1	From 2467388	to 2467621	Unknown, similar to B. subtilis YuzB protein
SeqID n° 2366	LM-4226.1	From 2468545	to 2468703	Unknown
SeqID n° 2367	LM-4227.1	From 2480325	to 2480528	Unknown, similar to repressor protein
SeqID n° 2368	LM-4228.1	From 2501306	to 2501470	Unknown
SeqID n° 2369	LM-423.1	From 1841094	to 1843313	phosphoribosylformylglycin amidine synthetase I
SeqID n° 2370	LM-4230.1	From 2559617	to 2559817	Unknown, similar to B. subtilis yvIC protein
SeqID n° 2371	LM-4231.1	From 2567696	to 2567935	Unknown, similar to B. subtilis CsbA protein
SeqID n° 2372	LM-4233.1	From 2611192	to 2611410	unknown, highly similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain c
SeqID n° 2373	LM-4234.1	From 2624633	to 2624878	ribosomal protein L31
SeqID n° 2374	LM-4235.1	From 2643753	to 2643938	Unknwon, similar to 4-oxalocrotonate isomerase
SeqID n° 2375	LM-4236.1	From 2646464	to 2646664	unknown
SeqID n° 2376	LM-4246.1	From 145354	to 145560	Unknwon, hypothetical protein
SeqID n° 2377	LM-4247.1	From 145085	to 145171	Unknwon, hypothetical protein
SeqID n° 2378	LM-4248.1	From 136714	to 136992	Unknwon, similar to E. coli YjdJ protein
SeqID n° 2379	LM-4249.1	From 136469	to 136702	Unknown, similar to E. coli YjdI protein
SeqID n° 2380	LM-425.1	From 1839682	to 1841109	glutamine phosphoribosylpyrophosphate amidotransferase
SeqID n° 2381	LM-4251.1	From 77863	to 78066	Unknown, Hypothetical
SeqID n° 2382	LM-4253.1	From 52373	to 52534	Unknown
SeqID n° 2383	LM-4254.1	From 50514	to 50753	30S ribosomal protein S18
SeqID n° 2384	LM-426.1	From 1838614	to 1839663	phosphoribosylaminoimidazole synthetase
SeqID n° 2385	LM-4262.2	From 267909	to 268949	Unknown, similar to penicillinase antirepressor
SeqID n° 2386	LM-4267.1	From 1153010	to 1153783	unknown, similar to regulatory proteins
SeqID n° 2387	LM-4268.1	From 1153848	to 1154204	unknown
SeqID n° 2388	LM-427.1	From 1838051	to 1838617	unknown, highly similar to phosphoribosylglycinamide formyltransferases
SeqID n° 2389	LM-4276.2	From 2943569	to 2943703	ribosomal protein L34
SeqID n° 2390	LM-4277.1	From 2693947	to 2694060	ribosomal protein L36

SeqID n° 2391	LM-428.1	From 1836516	to 1838045	Bifunctional phosphoribosylaminoimida zole carboxy formyl formyltransferase and inosine-monophosphate cyclohydrolase
SeqID n° 2392	LM-429.1	From 1835229	to 1836491	phosphoribosylglycinamide synthetase
SeqID n° 2393	LM-4293.1	From 2130228	to 2130401	ribosomal protein L32
SeqID n° 2394	LM-4295.1	From 2052696	to 2052833	Unknown
SeqID n° 2395	LM-43.1	From 2740052	to 2740333	Unknwon, similar to PTS system galactitol-specific enzyme IIB component
SeqID n° 2396	LM-430.1	From 1834795	to 1835091	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2397	LM-432.1	From 1834523	to 1834777	Unknown
SeqID n° 2398	LM-433.1	From 1833125	to 1834480	Unknown, similar to putative sodium-dependent transporter
SeqID n° 2399	LM-4342.1	From 2317644	to 2317841	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2400	LM-4349.1	From 1287710	to 1288243	Unknown
SeqID n° 2401	LM-435.1	From 1832242	to 1832919	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2402	LM-4352.1	From 436161	to 436352	Unknown
SeqID n° 2403	LM-4353.1	From 2250846	to 2251004	Unknown
SeqID n° 2404	LM-4358.1	From 2491285	to 2491473	unknown
SeqID n° 2405	LM-4359.1	From 2173635	to 2173832	
SeqID n° 2406	LM-436.2	From 1829982	to 1832177	ATP-dependent DNA helicase
SeqID n° 2407	LM-4360.1	From 263366	to 263515	
SeqID n° 2408	LM-438.1	From 1827941	to 1829956	Unknown, similar to DNA ligase
SeqID n° 2409	LM-439.1	From 1826829	to 1827944	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2410	LM-44.1	From 2740390	to 2740854	Unknwon, similar to PTS system galactitol-specific enzyme IIA component
SeqID n° 2411	LM-440.1	From 1826411	to 1826704	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase (subunit C)
SeqID n° 2412	LM-441.1	From 1824936	to 1826387	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase (subunit A)
SeqID n° 2413	LM-442.1	From 1823494	to 1824924	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase (subunit B)
SeqID n° 2414	LM-443.2	From 1822421	to 1823353	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2415	LM-444.2	From 1821518	to 1822273	Unknown



SeqID n° 2416	LM-445.1	From 1820133	to 1821494	Unknown, similar to hypothetical RNA methyltransferase
SeqID n° 2417	LM-446.1	From 1819244	to 1819798	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2418	LM-447.2	From 1818740	to 1819213	Unknown, similar to shikimate kinase
SeqID n° 2419	LM-45.2	From 2740888	to 2742957	unknown, similar to transcriptional antiterminator (BglG family)
SeqID n° 2420	LM-451.1	From 2435023	to 2436141	Unknown, similar to S. pyogenes RofA regulatory protein
SeqID n° 2421	LM-452.1	From 2434627	to 2434866	Hypothetical protein
SeqID n° 2422	LM-453.1	From 2433224	to 2434618	Unknown, similar to glutamate decarboxylase
SeqID n° 2423	LM-455.1	From 2431688	to 2433211	Unknown, similar to amino acid antiporter (acid resistance)
SeqID n° 2424	LM-456.1	From 2430826	to 2431296	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2425	LM-458.1	From 2428010	to 2430793	Unknown, transmembrane protein
SeqID n° 2426	LM-460.1	From 2427045	to 2427890	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2427	LM-463.1	From 2426270	to 2427001	Unknown, similar to N-acetylglucosamine-6-phosphate isomerase
SeqID n° 2428	LM-464.1	From 2425723	to 2426253	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2429	LM-466.1	From 2424922	to 2425533	Unknown
SeqID n° 2430	LM-468.1	From 2423480	to 2424721	Unknown; Similar to multidrug resistance protein
SeqID n° 2431	LM-469.1	From 2421878	to 2423476	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2432	LM-47.2	From 2743326	to 2744138	Unknown
SeqID n° 2433	LM-471.1	From 2419797	to 2421749	Unknown, similar to putative Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> antiporter
SeqID n° 2434	LM-472.1	From 2418871	to 2419770	Unknown, similar to LysR family transcription regulator
SeqID n° 2435	LM-473.1	From 2418083	to 2418628	Unknown, similar to NADH-dependent FMN reductase
SeqID n° 2436	LM-475.1	From 2417531	to 2418067	Unknown, similar to B. subtilis Ytml protein
SeqID n° 2437	LM-476.1	From 2416705	to 2417514	Unknown, similar to amino acid ABC transporter (binding protein)
SeqID n° 2438	LM-477.1	From 2415967	to 2416683	Unknown, similar to amino acid ABC-transporter (permease)

SeqID n° 2439	LM-478.1	From 2415246	to 2415953	Unknown, similar to amino acid ABC transporter (permease)
SeqID n° 2440	LM-48.1	From 2744212	to 2744574	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2441	LM-480.1	From 2414470	to 2415249	Unknown, similar to amino acid ABC-transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 2442	LM-481.1	From 2413478	to 2414473	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2443	LM-482.1	From 2413219	to 2413485	Unknown, similar to B. subtilis YtnI protein
SeqID n° 2444	LM-483.1	From 2411900	to 2413222	Unknown, similar to nitrilotriacetate monooxygenase
SeqID n° 2445	LM-484.1	From 2411126	to 2411827	Unknown, similar to 16S pseudouridylate synthase
SeqID n° 2446	LM-485.1	From 2409875	to 2410993	Similar to kinases
SeqID n° 2447	LM-486.1	From 2408967	to 2409878	Unknown, similar to Erwinia chrysanthemi IndA protein
SeqID n° 2448	LM-487.1	From 2408450	to 2408893	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2449	LM-488.1	From 2407128	to 2408453	aminopeptidase C
SeqID n° 2450	LM-49.1	From 2744571	to 2744939	Unknown
SeqID n° 2451	LM-490.1	From 2406161	to 2406913	Unknown, similar to regulatory protein DeoR family
SeqID n° 2452	LM-491.1	From 2405241	to 2406164	fructose-1-phosphate kinase
SeqID n° 2453	LM-492.1	From 2403341	to 2405239	unknown, highly similar to phosphotransferase system (PTS) fructose-specific enzyme IIABC component
SeqID n° 2454	LM-494.1	From 2402888	to 2403235	Unknown, similar to transcriptional regulator
SeqID n° 2455	LM-495.1	From 2402357	to 2402833	competence transcription factor
SeqID n° 2456	LM-496.1	From 2401008	to 2402366	putative integrase [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2457	LM-497.1	From 2400264	to 2400944	Unknown, weakly similar to gp32_Bacteriophage A118 protein
SeqID n° 2458	LM-498.1	From 2399542	to 2400243	Unknown, similar to protein gp33 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2459	LM-5.1	From 2713962	to 2714942	Unknown, similar to heptaprenyl diphosphate synthase component II
SeqID n° 2460	LM-500.1	From 2398685	to 2399161	Unknown, similar to a putative repressor protein [Bacteriophage A118]

SeqID n° 2461	LM-502.1	From 2397800	to 2398084	Unknown
SeqID n° 2462	LM-503.1	From 2397493	to 2397774	Unknown, similar to protein gp41 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2463	LM-506.1	From 2396454	to 2397230	Unknown, similar to anti-repressor [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2464	LM-507.1	From 2395798	to 2396331	gp43 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2465	LM-509.1	From 2394317	to 2394793	Unknown, similar to bacteriophage proteins
SeqID n° 2466	LM-51.1	From 2744985	to 2745791	Unknown, weakly similar to AraC-like transcription regulator
SeqID n° 2467	LM-510.1	From 2393613	to 2394311	Unknown
SeqID n° 2468	LM-512.1	From 2392622	to 2393596	Unknown, similar to protein gp49 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2469	LM-513.1	From 2391813	to 2392625	Unknown, similar to site-specific DNA-methyltransferase
SeqID n° 2470	LM-514.1	From 2391220	to 2391816	Unknown, similar to protein gp51 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2471	LM-517.1	From 2390580	to 2391023	Unknown, similar to a bacteriophage protein
SeqID n° 2472	LM-518.1	From 2390113	to 2390583	Unknown
SeqID n° 2473	LM-52.1	From 2745907	to 2746377	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2474	LM-520.1	From 2389655	to 2390116	Unknown
SeqID n° 2475	LM-522.1	From 2388729	to 2389211	unknown, similar to single-stranded DNA-binding protein
SeqID n° 2476	LM-523.1	From 2388179	to 2388583	Unknown
SeqID n° 2477	LM-524.1	From 2387792	to 2388175	unknown
SeqID n° 2478	LM-525.1	From 2387046	to 2387480	Protein gp66 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2479	LM-527.1	From 2386141	to 2386680	Unknown
SeqID n° 2480	LM-529.1	From 2385301	to 2386095	Unknown, similar to putative terminase small subunit from Bacteriophage A118
SeqID n° 2481	LM-53.1	From 2746423	to 2746878	Unknown, similar to ribose 5-phosphate epimerase
SeqID n° 2482	LM-530.1	From 2384001	to 2385332	putative terminase large subunit from Bacteriophage A118
SeqID n° 2483	LM-531.1	From 2382228	to 2383988	putative portal protein [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2484	LM-532.1	From 2381088	to 2382227	Protein gp4 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2485	LM-533.1	From 2380419	to 2381009	Unknown, putative scaffolding protein [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2486	LM-535.1	From 2379418	to 2380419	Unknown, similar to coat protein [Bacteriophage

## SPP1]

SeqID n° 2487	LM-536.1	From 2379004	to 2379399	Protein gp8 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2488	LM-537.1	From 2378642	to 2379004	Protein gp9 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2489	LM-538.1	From 2378304	to 2378642	Protein gp10 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2490	LM-539.1	From 2377897	to 2378304	Protein gp11 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2491	LM-54.1	From 2747073	to 2747414	Unknown
SeqID n° 2492	LM-540.1	From 2377460	to 2377894	major tail shaft protein [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2493	LM-541.1	From 2377198	to 2377530	Protein gp13 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2494	LM-542.1	From 2376721	to 2377143	Protein gp14 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2495	LM-543.1	From 2376110	to 2376715	Protein gp15 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2496	LM-548.1	From 2370736	to 2376099	Unknown, putative tape-measure [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2497	LM-549.1	From 2369916	to 2370734	Protein gp17 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2498	LM-55.1	From 2747427	to 2748683	Unknown, similar to UV-damage repair protein
SeqID n° 2499	LM-550.1	From 2368882	to 2369907	Protein gp18 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2500	LM-552.1	From 2367853	to 2368881	Protein gp19 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2501	LM-553.1	From 2366780	to 2367853	protein gp20 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2502	LM-554.1	From 2366451	to 2366768	protein gp21 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2503	LM-555.1	From 2365893	to 2366258	protein gp23 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2504	LM-557.1	From 2365599	to 2365880	holin [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2505	LM-558.1	From 2364754	to 2365599	L-alanoyl-D-glutamate peptidase
SeqID n° 2506	LM-559.1	From 2363709	to 2364260	Unknown
SeqID n° 2507	LM-56.1	From 2748685	to 2749497	Unknown, similar to hydrolase (esterase)
SeqID n° 2508	LM-560.1	From 2363135	to 2363632	Unknown, similar to an unknown bacteriophage protein
SeqID n° 2509	LM-562.3	From 2362661	to 2363110	Protein gp28 [Bacteriophage A118]
SeqID n° 2510	LM-563.3	From 318	to 1673	Chromosomal replication initiation protein DnaA
SeqID n° 2511	LM-564.1	From 1867	to 3012	DNA polymerase III, beta chain

SeqID n° 2512	LM-565.1	From 3121	to 4464	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2513	LM-566.1	From 4644	to 4865	Unknown, similar to B. subtilis YaaA protein
SeqID n° 2514	LM-567.1	From 4869	to 5981	RecF protein
SeqID n° 2515	LM-57.1	From 2749538	to 2750233	Unknown, similar to two components response regulator
SeqID n° 2516	LM-570.1	From 6030	to 7970	DNA gyrase subunit B
SeqID n° 2517	LM-573.1	From 8065	to 10593	DNA gyrase subunit A
SeqID n° 2518	LM-575.1	From 10728	to 12242	Unknown, similar to cardiolipin synthase
SeqID n° 2519	LM-576.1	From 12258	to 12776	diamine N-acetyltransferase
SeqID n° 2520	LM-578.1	From 12918	to 13886	Unknown, similar to mevalonate kinase
SeqID n° 2521	LM-580.1	From 13843	to 14814	unknown, similar to mevalonate diphosphate decarboxylase
SeqID n° 2522	LM-581.1	From 14795	to 15874	Unknown, similar to mevalonate kinases
SeqID n° 2523	LM-582.1	From 16219	to 17325	AA3-600 quinol oxidase subunit II
SeqID n° 2524	LM-584.1	From 17344	to 19323	AA3-600 quinol oxidase subunit I
SeqID n° 2525	LM-585.1	From 19311	to 19922	AA3-600 quinol oxidase subunit III
SeqID n° 2526	LM-586.1	From 19924	to 20256	unknown, highly similar to quinol oxidase aa3-600 chain IV
SeqID n° 2527	LM-587.1	From 20308	to 21426	Unknown, similar to Bacillus anthracis CapA protein (polyglutamate capsule biosynthesis)
SeqID n° 2528	LM-589.1	From 21652	to 23085	beta-glucosidase
SeqID n° 2529	LM-591.1	From 23132	to 23953	Unknown
SeqID n° 2530	LM-592.1	From 24194	to 24934	Unknown, similar to transcriptional regulator (GntR family)
SeqID n° 2531	LM-593.1	From 24950	to 25351	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIA component
SeqID n° 2532	LM-594.1	From 25351	to 25839	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIB component
SeqID n° 2533	LM-596.1	From 25862	to 26665	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIC component
SeqID n° 2534	LM-597.1	From 26640	to 27467	Unknown, similar to PTS system, mannose-specific IID component

SeqID n° 2535	LM-598.1	From 27495	to 28199	Unknown, similar to phosphoheptose isomerase
SeqID n° 2536	LM-599.1	From 28254	to 28895	Unknown, similar to E. coli copper homeostasis protein CutC
SeqID n° 2537	LM-6.1	From 2715023	to 2716363	Unknown
SeqID n° 2538	LM-600.1	From 29100	to 31004	Unknown, similar to PTS system, beta-glucosides specific IABC component
SeqID n° 2539	LM-601.1	From 31088	to 31963	Unknown, similar to E. coli microcin C7 self-immunity protein (MccF)
SeqID n° 2540	LM-602.1	From 32197	to 32535	Unknown
SeqID n° 2541	LM-604.1	From 32571	to 33380	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2542	LM-605.1	From 33397	to 34452	Unknown, transcriptional regulator LacI family
SeqID n° 2543	LM-606.1	From 34654	to 35619	Unknown, similar to xylose repressor
SeqID n° 2544	LM-608.1	From 35616	to 38018	Unknown, similar to endoglucanase
SeqID n° 2545	LM-609.1	From 38031	to 39383	Unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific IIC component
SeqID n° 2546	LM-610.1	From 39385	to 40470	Unknown, similar to Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase (C-terminal domain)
SeqID n° 2547	LM-611.1	From 40705	to 41730	Unknown, similar to ornithine carbamoyltransferase
SeqID n° 2548	LM-613.1	From 41803	to 43188	Unknown, similar to amino acid transporter
SeqID n° 2549	LM-614.1	From 43175	to 44266	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2550	LM-615.1	From 44282	to 45223	carbamate kinase
SeqID n° 2551	LM-616.1	From 45325	to 46434	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2552	LM-617.1	From 46451	to 47230	Unknown, conserved hypothetical protein, hypothetical regulator
SeqID n° 2553	LM-618.1	From 47335	to 47994	Unknown, similar to E. coli DedA protein
SeqID n° 2554	LM-619.2	From 48074	to 49306	Unknown, similar to arginine deiminase
SeqID n° 2555	LM-62.1	From 2750230	to 2752920	Unknown, similar to the two components sensor protein kdpD
SeqID n° 2556	LM-620.2	From 703688	to 703951	Unknown

SeqID n° 2557	LM-621.3	From 703128	to 703691	Unknown, similar to acetyl transferase
SeqID n° 2558	LM-622.1	From 703961	to 704338	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2559	LM-623.1	From 704452	to 705387	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2560	LM-624.1	From 705380	to 706150	Unknown, conserved membrane protein
SeqID n° 2561	LM-625.1	From 706408	to 707292	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 2562	LM-626.1	From 707612	to 708220	Unknown
SeqID n° 2563	LM-627.1	From 709134	to 709562	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2564	LM-628.1	From 709829	to 710749	Unknown
SeqID n° 2565	LM-629.1	From 711121	to 711435	Unknown
SeqID n° 2566	LM-631.1	From 711428	to 712195	Unknown, similar to flagellar biosynthetic protein FliP
SeqID n° 2567	LM-632.1	From 712208	to 712480	Unknown, similar to flagellar biosynthesis protein FliQ
SeqID n° 2568	LM-633.1	From 712483	to 713244	Unknown, similar to flagellar biosynthetic protein FliR
SeqID n° 2569	LM-635.1	From 713260	to 714306	Unknown, similar to flagellar biosynthetic protein flhB
SeqID n° 2570	LM-636.1	From 714353	to 716428	Unknown, similar to flagella-associated protein flhA
SeqID n° 2571	LM-637.1	From 716450	to 717673	Unknown, similar to flagellar biosynthesis protein FlhF
SeqID n° 2572	LM-639.1	From 717670	to 718449	Unknown, similar to flagellar hook-basal body protein FlgG
SeqID n° 2573	LM-641.1	From 718478	to 719266	Unknown, similar to chemotactic methyltransferase CheR
SeqID n° 2574	LM-642.1	From 719291	to 719626	Unknown
SeqID n° 2575	LM-643.1	From 719653	to 720504	Unknown, similar to motility protein (flagellar motor rotation) MotA
SeqID n° 2576	LM-645.1	From 720464	to 721291	Unknown, similar to motility protein (flagellar motor rotation) MotB
SeqID n° 2577	LM-647.1	From 721301	to 721801	Unknown
SeqID n° 2578	LM-648.1	From 721824	to 723737	Unknown, similar to unknown protein

SeqID n° 2579	LM-649.1	From 723750	to 724658	Unknown, similar to CheA activity-modulating chemotaxis protein CheV
SeqID n° 2580	LM-65.1	From 2752936	to 2753508	potassium-transporting atpase c chain
SeqID n° 2581	LM-650.3	From 724896	to 725759	flagellin protein
SeqID n° 2582	LM-651.1	From 726034	to 726393	Chemotaxis response regulator CheY
SeqID n° 2583	LM-652.1	From 726413	to 728269	two-component sensor histidine kinase CheA
SeqID n° 2584	LM-653.1	From 728282	to 728581	Unknown, similar to flagellar motor switch protein fliY C-terminal part
SeqID n° 2585	LM-654.1	From 728600	to 729010	Unknown
SeqID n° 2586	LM-657.1	From 729026	to 730072	Unknown
SeqID n° 2587	LM-658.1	From 730074	to 730496	unknown, similar to flagellar hook assembly protein
SeqID n° 2588	LM-659.1	From 730516	to 731751	Unknown, similar to flagellar hook protein FlgE
SeqID n° 2589	LM-660.1	From 732022	to 733014	Unknown, similar to flagellar switch protein FliM
SeqID n° 2590	LM-664.1	From 733017	to 734564	Unknown, similar to flagellar motor switch protein fliY
SeqID n° 2591	LM-665.1	From 734570	to 735973	Unknown
SeqID n° 2592	LM-668.1	From 735996	to 737162	Unknown
SeqID n° 2593	LM-669.1	From 737269	to 737733	Unknown
SeqID n° 2594	LM-670.1	From 737743	to 738171	Unknown
SeqID n° 2595	LM-671.1	From 738191	to 739711	Unknown, similar to flagellar hook-associated protein FlgK
SeqID n° 2596	LM-672.1	From 739723	to 740598	Unknown, similar to flagellar hook-associated protein 3 FlgL
SeqID n° 2597	LM-674.1	From 740610	to 741899	Unknown, similar to flagellar hook-associated protein 2 FliD
SeqID n° 2598	LM-675.1	From 741918	to 742304	Unknown, similar to hypothetical flagellar protein
SeqID n° 2599	LM-676.1	From 742276	to 742557	Unknown
SeqID n° 2600	LM-677.1	From 742578	to 742979	Unknown, similar to flagellar basal-body rod protein flgB
SeqID n° 2601	LM-679.1	From 742991	to 743401	Unknown, similar to flagellar basal-body rod protein flgC
SeqID n° 2602	LM-680.1	From 743418	to 743714	Unknown, similar to flagellar hook-basal body complex protein FliE



SeqID n° 2603	LM-682.1	From 743782	to 745434	Unknown, similar to flagellar basal-body M-ring protein fliF
SeqID n° 2604	LM-685.1	From 745437	to 746543	Unknown, similar to flagellar motor switch protein fliG
SeqID n° 2605	LM-686.1	From 746530	to 747222	Unknown
SeqID n° 2606	LM-688.1	From 747219	to 748520	Unknown, similar to H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase alpha chain FliI, flagellar-specific, -
SeqID n° 2607	LM-689.1	From 748537	to 749205	Unknown, similar to transglycosylase
SeqID n° 2608	LM-69.1	From 2753523	to 2755568	potassium-transporting atpase b chain
SeqID n° 2609	LM-690.1	From 749219	to 749863	Unknown
SeqID n° 2610	LM-691.1	From 749985	to 750311	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2611	LM-692.1	From 750311	to 750634	Unknown
SeqID n° 2612	LM-693.1	From 750680	to 751327	putative fibronectin-binding protein
SeqID n° 2613	LM-695.1	From 751598	to 753328	Unknown, similar to pyruvate oxidase
SeqID n° 2614	LM-697.1	From 753490	to 755295	Unknown, similar to methyl-accepting chemotaxis protein
SeqID n° 2615	LM-698.1	From 755308	to 756036	Unknown, similar to B. subtilis YvpB protein
SeqID n° 2616	LM-699.2	From 2842413	to 2843867	Unknown, similar to beta-glucosidase
SeqID n° 2617	LM-7.1	From 2716408	to 2717394	Unknown
SeqID n° 2618	LM-700.1	From 2843914	to 2844216	Unknown, similar to PTS cellobiose-specific enzyme IIB
SeqID n° 2619	LM-702.1	From 2844249	to 2845601	Unknown, similar to PTS cellobiose-specific enzyme IIC component
SeqID n° 2620	LM-703.1	From 2845613	to 2846497	Unknown, similar to xylose operon regulatory protein and to glucose kinase
SeqID n° 2621	LM-704.1	From 2846490	to 2846798	Unknown, similar to PTS cellobiose-specific enzyme IIA
SeqID n° 2622	LM-705.1	From 2846839	to 2847573	Unknown, similar to hypothetical transcriptional regulator
SeqID n° 2623	LM-706.1	From 2847673	to 2848335	Unknown
SeqID n° 2624	LM-707.2	From 2848406	to 2849536	Unknown
SeqID n° 2625	LM-708.3	From 2849563	to 2850450	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein

SeqID n° 2626	LM-709.2	From 2850620	to 2852950	Unknown, similar to gamma-glutamylcysteine synthetase (for the N_terminal part) and to cyanophycin synthetase (C-terminal part)
SeqID n° 2627	LM-710.1	From 2852988	to 2854436	Unknown, similar to beta-glucosidase
SeqID n° 2628	LM-711.2	From 2854429	to 2856282	Unknown, similar to beta-glucoside-specific enzyme IIABC
SeqID n° 2629	LM-712.2	From 2856379	to 2857218	Unknown, similar to transcription antiterminator
SeqID n° 2630	LM-714.1	From 2857580	to 2858203	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 2631	LM-715.1	From 2858196	to 2860364	Unknown
SeqID n° 2632	LM-716.1	From 2860426	to 2860821	Unknown
SeqID n° 2633	LM-717.1	From 2861424	to 2862614	Unknown, similar to efflux protein
SeqID n° 2634	LM-718.1	From 2862774	to 2863283	Unknown
SeqID n° 2635	LM-720.1	From 2863561	to 2864661	Unknown, similar to probable GTP-binding protein
SeqID n° 2636	LM-721.1	From 2864813	to 2865121	Unknown, similar to cellobiose PTS enzyme IIA
SeqID n° 2637	LM-723.1	From 2865127	to 2867397	Unknown, similar to beta-glucosidase
SeqID n° 2638	LM-724.1	From 2867432	to 2867731	Unknown, similar to PTS, cellobiose-specific IIB component
SeqID n° 2639	LM-725.1	From 2867746	to 2869041	Unknown, similar to cellobiose phosphotransferase system enzyme IIC
SeqID n° 2640	LM-726.1	From 2869191	to 2871107	Unknown, similar to lichenan operon transcription antiterminator licR
SeqID n° 2641	LM-727.1	From 2871318	to 2872784	catalase
SeqID n° 2642	LM-728.1	From 2872932	to 2873915	Unknown
SeqID n° 2643	LM-73.1	From 2755580	to 2757265	unknown, highly similar to potassium-transporting atpase a chain
SeqID n° 2644	LM-730.1	From 2873915	to 2875837	beta-glucoside-specific phosphotransferase enzyme II
SeqID n° 2645	LM-731.2	From 2875945	to 2876775	transcription antiterminator
SeqID n° 2646	LM-733.2	From 2877160	to 2878011	Partition protein ParB homolog
SeqID n° 2647	LM-734.1	From 2878004	to 2878765	Partition protein, ParA homolog

SeqID n° 2648	LM-735.1	From 2878989	to 2879747	Unknown
SeqID n° 2649	LM-736.1	From 2879906	to 2880205	Unknown
SeqID n° 2650	LM-737.1	From 2880217	to 2881071	Unknown, highly similar to B. subtilis DNA-binding protein Spo0J-like homolog YyaA
SeqID n° 2651	LM-739.1	From 2881243	to 2882049	Unknown, similar to E. coli RpiR transcription regulator
SeqID n° 2652	LM-74.1	From 2757606	to 2757911	Unknown, similar to cellobiose phosphotransferase enzyme IIB component
SeqID n° 2653	LM-740.1	From 2882033	to 2882938	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 2654	LM-741.1	From 2882963	to 2883409	Unknown, similar to phosphotransferase system mannitol-specific enzyme IIA
SeqID n° 2655	LM-742.1	From 2883422	to 2884078	Unknown, similar to phosphatase
SeqID n° 2656	LM-744.1	From 2884141	to 2885547	Unknown, similar to phosphotransferase system mannitol-specific enzyme IIBC
SeqID n° 2657	LM-747.1	From 2885581	to 2886582	Unknown, similar to dehydrogenase
SeqID n° 2658	LM-748.2	From 2886584	to 2887297	Unknown, similar to a putative N- acetylmannosamine-6- phosphate epimerase
SeqID n° 2659	LM-749.2	From 2536347	to 2538581	unknown, similar to transport protein
SeqID n° 2660	LM-750.1	From 2538588	to 2539196	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 2661	LM-751.1	From 2539213	to 2539611	Unknown
SeqID n° 2662	LM-752.1	From 2539838	to 2540173	Unknown
SeqID n° 2663	LM-753.1	From 2540421	to 2541857	Unknown, similar to chitinase and chitin binding protein
SeqID n° 2664	LM-754.1	From 2542014	to 2542610	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit
SeqID n° 2665	LM-755.1	From 2542658	to 2544049	Unknown, similar to amino acid transporter
SeqID n° 2666	LM-758.1	From 2545487	to 2546503	Unknown, similar to NADH oxidase
SeqID n° 2667	LM-759.1	From 2546530	to 2547501	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2668	LM-760.1	From 2547509	to 2548477	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2669	LM-761.1	From 2548479	to 2549354	unknown, conserved hypothetical protein

SeqID n° 2670	LM-762.1	From 2549462	to 2551192	Unknown, similar to phosphomannomutase and phosphoglucomutase
SeqID n° 2671	LM-763.1	From 2551234	to 2552295	Unknown, similar to aldose 1-epimerase (mutarotase)
SeqID n° 2672	LM-764.1	From 2552312	to 2553295	UDP-glucose 4-epimerase
SeqID n° 2673	LM-765.1	From 2553414	to 2554373	thioredoxin reductase
SeqID n° 2674	LM-766.1	From 2554452	to 2555927	Unknown
SeqID n° 2675	LM-767.1	From 2556013	to 2556510	Unknown, similar to acetyltransferase
SeqID n° 2676	LM-768.1	From 2556514	to 2557167	Unknown, similar to B. subtilis P-Ser-HPr phosphatase
SeqID n° 2677	LM-769.1	From 2557211	to 2558044	unknown, highly similar to prolipoprotein diacylglycerol transferase
SeqID n° 2678	LM-77.1	From 2758046	to 2759353	Unknown, similar to cellobiose phosphotransferase enzyme IIC component HPr-P(Ser) kinase/phosphatase
SeqID n° 2679	LM-771.1	From 2558130	to 2559068	Unknown, similar to B. subtilis YvID protein
SeqID n° 2680	LM-772.1	From 2559255	to 2559608	unknown
SeqID n° 2681	LM-774.1	From 2559841	to 2561052	Unknown, similar to B. subtilis YvIB protein
SeqID n° 2682	LM-776.1	From 2561120	to 2562382	excinuclease ABC (subunit A)
SeqID n° 2683	LM-778.1	From 2562591	to 2565461	Unknown, similar to cellobiose phosphotransferase enzyme IIA component
SeqID n° 2684	LM-78.1	From 2759390	to 2759692	excinuclease ABC (subunit B)
SeqID n° 2685	LM-780.1	From 2565469	to 2567445	Unknown
SeqID n° 2686	LM-781.1	From 2567956	to 2568603	unknown
SeqID n° 2687	LM-782.1	From 2568625	to 2569011	Unknown, similar to transcription regulator ArsR family
SeqID n° 2688	LM-783.1	From 2569117	to 2569422	Unknown, similar to negative regulator of phosphate regulon
SeqID n° 2689	LM-784.1	From 2569690	to 2570349	unknown, similar to phosphate ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2690	LM-786.1	From 2570362	to 2571141	unknown, similar to phosphate ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2691	LM-788.1	From 2571156	to 2571971	Unknown, similar to phosphate ABC transporter (permease protein)
SeqID n° 2692	LM-789.1	From 2571999	to 2572883	

SeqID n° 2693	LM-791.1	From 2572880	to 2573803	Unknown, similar to phosphate ABC transporter (permease protein)
SeqID n° 2694	LM-793.1	From 2573897	to 2574805	Unknown, similar to phosphate ABC transporter (binding protein)
SeqID n° 2695	LM-794.1	From 2575061	to 2576836	two-component sensor histidine kinase
SeqID n° 2696	LM-795.1	From 2576836	to 2577546	two-component response regulator
SeqID n° 2697	LM-796.2	From 2577696	to 2578871	Unknown
SeqID n° 2698	LM-797.2	From 2578899	to 2580347	Unknown, similar to cardiolipin synthase
SeqID n° 2699	LM-799.2	From 2278639	to 2279292	competence negative regulator mecA
SeqID n° 2700	LM-8.1	From 2717422	to 2718234	Unknown
SeqID n° 2701	LM-80.1	From 2760147	to 2760680	unknown
SeqID n° 2702	LM-801.1	From 2277398	to 2278513	Unknown, similar to a putative competence protein from streptococcus pneumoniae
SeqID n° 2703	LM-803.1	From 2275520	to 2277325	Unknown, similar to oligoendopeptidase
SeqID n° 2704	LM-804.1	From 2274961	to 2275221	Unknown
SeqID n° 2705	LM-805.1	From 2274127	to 2274750	Unknown
SeqID n° 2706	LM-806.1	From 2272403	to 2274112	Unknown
SeqID n° 2707	LM-807.1	From 2271444	to 2272316	Unknown, similar to ferrichrome ABC transporter (binding protein)
SeqID n° 2708	LM-809.1	From 2270465	to 2271454	Unknown, similar to ferrichrome ABC transporter (permease)
SeqID n° 2709	LM-81.1	From 2760845	to 2761954	Unknown, similar to cell division protein FtsW
SeqID n° 2710	LM-810.1	From 2269705	to 2270484	Unknown, similar to ferrichrome ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2711	LM-812.1	From 2268961	to 2269701	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2712	LM-813.2	From 2268424	to 2268900	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2713	LM-817.1	From 2259366	to 2259713	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2714	LM-818.1	From 2258697	to 2259260	Unknown, similar to transcriptional regulator (tetR family)
SeqID n° 2715	LM-820.1	From 2257754	to 2258515	Unknown, similar to dehydrogenase
SeqID n° 2716	LM-821.1	From 2256507	to 2257580	Unknown, similar to unknown proteins

SeqID n° 2717	LM-823.1	From 2255034	to 2256401	Unknown, similar to sigma-54-dependent transcriptional activator
SeqID n° 2718	LM-826.1	From 2253221	to 2254804	Unknown, similar to propionate CoA-transferase
SeqID n° 2719	LM-827.1	From 2252001	to 2253224	Unknown, similar to antiporter proteins
SeqID n° 2720	LM-83.1	From 2761951	to 2763081	Unknown, similar to cell division protein FtsW
SeqID n° 2721	LM-830.1	From 2251050	to 2251979	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2722	LM-831.1	From 2250431	to 2250820	Unknown, similar to glyoxalase I
SeqID n° 2723	LM-833.1	From 2249683	to 2250300	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2724	LM-834.1	From 2248946	to 2249617	Unknown
SeqID n° 2725	LM-835.1	From 2247998	to 2248693	Unknown, similar to transcription regulator CRP/FNR family
SeqID n° 2726	LM-836.1	From 2247050	to 2247928	Unknown, similar to transcriptional regulator (AraC/XylS family)
SeqID n° 2727	LM-837.1	From 2245899	to 2246975	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 2728	LM-838.1	From 2245143	to 2245883	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2729	LM-839.1	From 2244419	to 2245141	Unknown
SeqID n° 2730	LM-840.1	From 2243448	to 2244416	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2731	LM-841.1	From 2242376	to 2243425	Unknown, similar to oxidoreductase
SeqID n° 2732	LM-842.1	From 2240068	to 2241969	Unknown
SeqID n° 2733	LM-843.1	From 2239672	to 2240013	Unknown
SeqID n° 2734	LM-845.1	From 2236844	to 2239135	Unknown, similar to ribonucleoside-diphosphate reductase, subunit alpha
SeqID n° 2735	LM-846.1	From 2235739	to 2236788	Unknown, similar to ribonucleoside-diphosphate reductase, subunit beta
SeqID n° 2736	LM-847.1	From 2235305	to 2235742	Unknown, similar to flavodoxin
SeqID n° 2737	LM-848.1	From 2234982	to 2235308	Unknown, similar to thioredoxin
SeqID n° 2738	LM-849.1	From 2234575	to 2234874	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2739	LM-85.1	From 2763082	to 2765652	Unknown, highly similar to Mg <sup>2+</sup> transport ATPase
SeqID n° 2740	LM-850.1	From 2233841	to 2234158	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2741	LM-851.1	From 2233150	to 2233791	Unknown, similar to unknown proteins

SeqID n° 2742	LM-853.1	From 2232087	to 2233094	Unknown, similar to unknown proteins
SeqID n° 2743	LM-854.1	From 2231127	to 2231981	Unknown, similar to transcription regulator LysR family
SeqID n° 2744	LM-856.1	From 2230042	to 2231058	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2745	LM-857.1	From 2229193	to 2229927	Unknown, similar to transcription regulator GntR family
SeqID n° 2746	LM-858.1	From 2227412	to 2229154	Unknown, weakly similar to mannose-6-phosphate isomerase
SeqID n° 2747	LM-859.1	From 2226533	to 2227198	Unknown
SeqID n° 2748	LM-860.1	From 2225471	to 2225944	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2749	LM-861.1	From 2224219	to 2225454	Unknown, similar to ABC transporter (membrane protein)
SeqID n° 2750	LM-862.1	From 2223324	to 2224226	Unknown, similar to ABC transporter (ATP-binding protein)
SeqID n° 2751	LM-863.1	From 2221671	to 2223128	Unknown, similar to transcription regulator
SeqID n° 2752	LM-865.1	From 2221186	to 2221659	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific enzyme IIA component
SeqID n° 2753	LM-866.1	From 2220862	to 2221173	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific enzyme IIB component
SeqID n° 2754	LM-867.1	From 2219751	to 2220845	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific enzyme IIC component
SeqID n° 2755	LM-869.1	From 2218879	to 2219733	Unknown, similar to fructose-1,6-biphosphate aldolase type II
SeqID n° 2756	LM-87.1	From 2766207	to 2766773	Unknown, similar to transcription regulator, TetR family
SeqID n° 2757	LM-870.1	From 2217963	to 2218862	Unknown, similar to fructose-1,6-biphosphate aldolase type II
SeqID n° 2758	LM-871.1	From 2217222	to 2217953	Unknown
SeqID n° 2759	LM-872.1	From 2216054	to 2216743	Unknown
SeqID n° 2760	LM-874.2	From 2486136	to 2486921	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 2761	LM-875.1	From 2484816	to 2486117	Unknown, similar to aminotransferase
SeqID n° 2762	LM-876.1	From 2483589	to 2484815	Unknown, similar to aminotransferase

SeqID n° 2763	LM-877.1	From 2483149	to 2483592	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2764	LM-878.1	From 2481732	to 2483126	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2765	LM-879.1	From 2481023	to 2481574	Unknown
SeqID n° 2766	LM-880.1	From 2480531	to 2480944	Unknown
SeqID n° 2767	LM-881.1	From 2479607	to 2479921	unknown
SeqID n° 2768	LM-883.1	From 2478623	to 2479465	unknown, similar to B. subtilis YunF protein
SeqID n° 2769	LM-884.1	From 2478225	to 2478590	Unknown
SeqID n° 2770	LM-885.1	From 2477385	to 2478224	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2771	LM-886.1	From 2475860	to 2477251	Unknown, similar to B. subtilis YunD protein
SeqID n° 2772	LM-887.1	From 2475588	to 2475863	Unknown, similar to B. subtilis YutD protein
SeqID n° 2773	LM-888.1	From 2474801	to 2475568	Unknown, similar to conserved hypothetical protein and to B. subtilis YutF protein
SeqID n° 2774	LM-889.1	From 2474309	to 2474752	Unknown, similar to acetyltransferase
SeqID n° 2775	LM-89.1	From 2766935	to 2768707	Unknown, similar to autolysin, N-acetylmuramidase
SeqID n° 2776	LM-890.1	From 2472963	to 2474273	Unknown, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2777	LM-892.1	From 2472438	to 2472938	Unknown, low temperature requirement C protein, also similar to B. subtilis YutG protein
SeqID n° 2778	LM-893.1	From 2472089	to 2472325	Unknown, similar to NifU protein
SeqID n° 2779	LM-896.1	From 2468210	to 2468392	Unknown, hypothetical CDS
SeqID n° 2780	LM-897.1	From 2467643	to 2467969	Unknown, similar to B. subtilis YuzD protein
SeqID n° 2781	LM-899.1	From 2466713	to 2467342	Unknown, conserved hypothetical protein similar to B. subtilis YhfK protein
SeqID n° 2782	LM-90.1	From 2768944	to 2769273	Unknown
SeqID n° 2783	LM-901.1	From 2465630	to 2466625	Unknown, similar to hypothetical thioredoxine reductase
SeqID n° 2784	LM-903.1	From 2463969	to 2465180	Unknown, similar to NADH dehydrogenase
SeqID n° 2785	LM-904.1	From 2463066	to 2463884	Unknown, similar to B. subtilis YwqG protein



SeqID n° 2786	LM-906.1	From 2461803	to 2463029	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2787	LM-907.1	From 2461219	to 2461692	Unknown, similar to B. subtilis YuiD protein
SeqID n° 2788	LM-908.1	From 2460720	to 2461091	Unknown, similar to B. subtilis YuxO protein
SeqID n° 2789	LM-91.1	From 2769381	to 2770007	Unknown, similar to thymidylate kinase
SeqID n° 2790	LM-910.1	From 2460090	to 2460683	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2791	LM-911.1	From 2459819	to 2460106	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2792	LM-912.1	From 2459343	to 2459822	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2793	LM-913.1	From 2457852	to 2459336	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2794	LM-915.1	From 2457512	to 2457859	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2795	LM-916.1	From 2457087	to 2457512	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2796	LM-917.1	From 2454695	to 2457103	unknown, similar to proteins involved in resistance to cholate and to NA(+) and in pH homeostasis
SeqID n° 2797	LM-918.1	From 2453138	to 2454349	Unknown, similar to multi-drug resistance efflux pump
SeqID n° 2798	LM-919.1	From 2452322	to 2452906	Unknown, similar to peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
SeqID n° 2799	LM-92.1	From 2770060	to 2771439	Unknown, similar to lysine decarboxylase
SeqID n° 2800	LM-920.1	From 2451840	to 2452235	Unknown

SeqID n° 2801	LM-922.1	From 2450437	to 2451798	Unknown, similar to aspartate kinase
SeqID n° 2802	LM-923.1	From 2449878	to 2450192	Unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIB component
SeqID n° 2803	LM-924.1	From 2449155	to 2449835	unknown, similar to ABC-transporter ATP binding proteins
SeqID n° 2804	LM-925.1	From 2448052	to 2449155	Unknown, similar to putative ABC-transporter transmembrane subunit
SeqID n° 2805	LM-926.1	From 2446747	to 2447913	Unknown, similar to aminotransferase
SeqID n° 2806	LM-927.1	From 2446240	to 2446593	Unknown, similar to B. subtilis general stress protein 13 containing a ribosomal S1 protein domain
SeqID n° 2807	LM-929.1	From 2445685	to 2446092	Unknown
SeqID n° 2808	LM-930.2	From 2444231	to 2445583	glucose-6-phosphate isomerase
SeqID n° 2809	LM-931.2	From 2443368	to 2444126	Unknown, similar to transcription regulator DeoR family
SeqID n° 2810	LM-935.1	From 198201	to 199409	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 2811	LM-936.1	From 197512	to 198204	ABC transporter, ATP-binding protein
SeqID n° 2812	LM-937.1	From 196786	to 197463	unknwon
SeqID n° 2813	LM-938.1	From 195793	to 196611	Unknown, similar to PurR, transcription repressor of purine operon of B. subtilis
SeqID n° 2814	LM-939.1	From 194892	to 195629	Unknwon, similar to a putative phospho-beta-glucosidase
SeqID n° 2815	LM-94.1	From 2771623	to 2772612	Unknown, similar to dihydroxyacetone kinase
SeqID n° 2816	LM-941.1	From 193989	to 194870	Unknwon, similar to B. subtilis YabH protein
SeqID n° 2817	LM-942.1	From 193593	to 193850	Unknwon, highly similar to B. subtilis Veg protein
SeqID n° 2818	LM-943.1	From 192586	to 193473	dimethyladenosine transferase (16S rRNA dimethylase)
SeqID n° 2819	LM-945.1	From 192018	to 192593	Unknwon, similar to B. subtilis YabF protein
SeqID n° 2820	LM-946.1	From 190690	to 191916	Unknwon, similar to B. subtilis YabE protein

SeqID n° 2821	LM-947.1	From 189625	to 190398	Unknwon, similar to conserved hypothetical proteins
SeqID n° 2822	LM-949.1	From 187867	to 189528	Unknwon, similar to oligo-1,6-glucosidase
SeqID n° 2823	LM-95.1	From 2772634	to 2773230	Unknown, similar to hypothetical dihydroxyacetone kinase
SeqID n° 2824	LM-950.1	From 185572	to 187863	Unknwon, similar to alpha-glucosidase
SeqID n° 2825	LM-955.1	From 182267	to 185569	Unknwon, similar to alpha-xylosidase and alpha-glucosidase
SeqID n° 2826	LM-958.1	From 180928	to 182184	Unknwon, similar to sugar ABC transporter, periplasmic sugar-binding protein
SeqID n° 2827	LM-96.1	From 2773234	to 2773608	unknown
SeqID n° 2828	LM-960.1	From 180052	to 180900	Unknwon, similar to sugar ABC transporter, permease protein
SeqID n° 2829	LM-961.1	From 179174	to 180052	Unknwon, similar to sugar ABC transporters, permease proteins
SeqID n° 2830	LM-962.1	From 177924	to 179138	Unknwon, similar to xylose repressor
SeqID n° 2831	LM-964.1	From 175766	to 177760	methionyl-tRNA synthetase
SeqID n° 2832	LM-965.1	From 174834	to 175694	Unknwon, similar to glucose uptake protein
SeqID n° 2833	LM-968.1	From 172903	to 173208	Unknown, similar to transposase
SeqID n° 2834	LM-969.1	From 172410	to 172802	Unknown, similar to transposase (N-terminal part)
SeqID n° 2835	LM-97.1	From 2773714	to 2774565	Unknown, similar to putative transcription regulator
SeqID n° 2836	LM-970.1	From 172072	to 172410	Unknown, similar to transposase C-terminal part
SeqID n° 2837	LM-975.1	From 168005	to 169270	Unknwon
SeqID n° 2838	LM-977.1	From 167086	to 167943	Unknown, similar to a glucose uptake protein
SeqID n° 2839	LM-978.1	From 166687	to 166971	Unknown, similar to B. subtilis transcription regulatory protein AbrB
SeqID n° 2840	LM-98.1	From 2774684	to 2775523	Unknown, similar to conserved hypothetical protein
SeqID n° 2841	LM-981.1	From 165761	to 166642	Unknwon, conserved hypothetical protein

SeqID n° 2842	LM-982.1	From 165492	to 165764	unknown, similar to B. subtilis YazA protein
SeqID n° 2843	LM-983.1	From 164756	to 165508	unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2844	LM-984.1	From 164309	to 164698	Unknown, similar to B. subtilis YabA protein
SeqID n° 2845	LM-987.1	From 163465	to 164298	Unknown
SeqID n° 2846	LM-988.2	From 162467	to 163459	Unknown, similar to B. subtilis DNA polymerase III (delta subunit)
SeqID n° 2847	LM-990.2	From 596580	to 597620	Unknown, conserved hypothetical protein
SeqID n° 2848	LM-991.1	From 595843	to 596538	Unknown, similar to phosphoglycerate mutase
SeqID n° 2849	LM-992.1	From 595135	to 595842	Unknown, similar to phosphoglycerate mutase
SeqID n° 2850	LM-994.1	From 593528	to 595006	Unknown, similar to di-tripeptide ABC transporter (membrane protein)
SeqID n° 2851	LM-995.1	From 592257	to 593438	Unknown, similar to NADH-dependent butanol dehydrogenase
SeqID n° 2852	LM-996.1	From 591412	to 592047	Unknown
SeqID n° 2853	LM-997.1	From 590324	to 591355	Unknown, similar to unknown protein
SeqID n° 2854	LM-998.1	From 589406	to 590248	Unknown

**REVENDICATIONS**

1. Séquence nucléotidique de *Listeria monocytogenes* caractérisée en ce qu'elle correspond à SEQ ID N° 1.
- 5 2. Séquence nucléotidique de *Listeria monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :
  - a) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 % d'identité avec SEQ ID N° 1 ;
  - 10 b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec SEQ ID N° 1 ;
  - c) une séquence nucléotidique complémentaire de SEQ ID N° 1 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant ;
  - 15 d) une séquence nucléotidique de fragment représentatif de SEQ ID N° 1, ou de fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b) ou c);
  - e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
  - 20 f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e).
3. Séquence nucléotidique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une séquence issue de SEQ ID N° 1, et en ce qu'elle code pour un polypeptide choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 2854.
- 25 4. Séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence nucléotidique choisie parmi :
  - a) une séquence nucléotidique selon la revendication 3 ;
  - b) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 % d'identité avec une séquence nucléotidique selon la revendication 3 ;
  - 30 c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique selon la revendication 3 ;
  - d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;

- e) une séquence nucléotidique de fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
  - f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e).
- 5 5. Polypeptide codé par une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4.
6. Polypeptide selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les séquences SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 2854.
7. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend un polypeptide choisi parmi :
- 10 a) un polypeptide selon l'une des revendications 5 et 6 ;
- b) un polypeptide présentant au moins 80 % d'identité avec un polypeptide selon l'une des revendications 5 et 6 ;
- c) un fragment d'au moins 5 acides aminés d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 et 6, ou tel que défini en b) ;
- 15 d) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 et 6, ou tel que défini en b) ou c) ; et
- e) un polypeptide modifié d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 et 6 ou tel que défini en b), c) ou d).
8. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide selon la revendication 7.
- 20 9. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la biosynthèse des acides aminés ou l'un de ses fragments.
10. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la biosynthèse des cofacteurs, groupes prosthétiques et transporteurs ou
- 25 l'un de ses fragments.
11. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide d'enveloppe cellulaire ou situé à la surface de *Listeria monocytogenes* ou l'un de ses fragments, ledit polypeptide étant de préférence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41.
- 30 12. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la machinerie cellulaire ou l'un de ses fragments.

13. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme intermédiaire central ou l'un de ses fragments.
14. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme énergétique ou l'un de ses fragments.
15. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides ou l'un de ses fragments.
16. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides ou l'un de ses fragments.
17. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans les fonctions de régulation ou l'un de ses fragments.
18. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de réplication ou l'un de ses fragments.
19. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de transcription ou l'un de ses fragments.
20. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de traduction ou l'un de ses fragments.
21. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines ou l'un de ses fragments.
22. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques ou l'un de ses fragments.

23. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la sensibilité aux médicaments et analogues ou l'un de ses fragments.
24. Séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de  
5 *Listeria monocytogenes* impliqué dans la biosynthèse de la vitamine B12, ledit polypeptide étant de préférence SEQ ID N° 42 à SEQ ID N°64.
25. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans les fonctions relatives aux transposons ou l'un de ses fragments.
- 10 26. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide spécifique de *Listeria monocytogenes* ou l'un de ses fragments.
27. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la biosynthèse des  
15 acides aminés ou l'un de ses fragments.
28. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la biosynthèse des cofacteurs, groupes prosthétiques et transporteurs ou l'un de ses fragment.
29. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit  
20 d'un polypeptide d'enveloppe cellulaire ou situé à la surface de *Listeria monocytogenes* ou l'un de ses fragments, ledit polypeptide étant de préférence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41.
30. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la machinerie  
25 cellulaire ou l'un de ses fragments.
31. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme intermédiaire central ou l'un de ses fragments.
32. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit  
30 d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme énergétique ou l'un de ses fragments.



33. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides ou l'un de ses fragments.
- 5 34. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides ou l'un de ses fragments.
- 10 35. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans les fonctions de régulation ou l'un de ses fragments.
36. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de réplication ou l'un de ses fragments.
- 15 37. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de transcription ou l'un de ses fragments.
38. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de traduction ou l'un de ses fragments.
- 20 39. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines ou l'un de ses fragments.
- 25 40. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques ou l'un de ses fragments.
41. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la sensibilité aux médicaments et analogues ou l'un de ses fragments.
- 30 42. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans la biosynthèse de la vitamine B12, ledit polypeptide étant de préférence SEQ ID N° 42 à SEQ ID N°64.

43. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria monocytogenes* impliqué dans les fonctions relatives aux transposons ou l'un de ses fragments.
44. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, caractérisé en ce qu'il s'agit  
5 d'un polypeptide spécifique de *Listeria monocytogenes* ou l'un de ses fragments.
45. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 1 à 4, et 8 à 26 , et/ou séquence de polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, et, 27 à 44, caractérisée(s) en ce que ladite ou lesdites séquences est (sont) enregistrée(s) sur  
10 un support d'enregistrement dont la forme et la nature facilitent la lecture, l'analyse et/ou l'exploitation de ladite ou desdites séquences.
46. Séquence nucléotidique ou séquence de polypeptide selon la revendication 45, caractérisée en ce que le support d'enregistrement est un CD-ROM, une disquette informatique ou un serveur informatique.
- 15 47. Support d'enregistrement caractérisé en ce qu'y est enregistré une séquence nucléotidique ou de polypeptide selon la revendication 45 ou 46.
48. Utilisation d'un support selon la revendication 47 pour le choix d'amorces ou de sondes nucléotidiques pour la détermination de gènes dans des souches proches de *Listeria monocytogenes*.
- 20 49. Utilisation d'un support selon la revendication 47 pour l'étude du polymorphisme génétique de souches proches de *Listeria monocytogenes*.
50. Utilisation d'un support selon la revendication 47, pour l'étude d'autres génomes en particulier pour l'annotation automatique de gènes provenant d'autres génomes.
- 25 51. Séquence nucléotidique utilisable comme amorce ou comme sonde, caractérisée en ce que ladite séquence est choisie parmi les séquences nucléotidiques selon l'une des revendications 2 à 4, et, 8 à 26.
52. Séquence nucléotidique selon la revendication 51, caractérisée en ce qu'elle est marquée par un composé radioactif ou par un composé non radioactif.
- 30 53. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 51 et 52, caractérisée en ce qu'elle est immobilisée sur un support, de manière covalente ou non-covalente.

54. Séquence nucléotidique selon la revendication 53, caractérisée en ce qu'elle est immobilisée sur un support tel qu'un filtre à haute densité ou une puce à ADN.
55. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 52 à 55 pour la détection et/ou l'amplification de séquences nucléiques.
- 5 56. Puce à ADN ou filtre, caractérisé en ce qu'il contient au moins une séquence nucléotidique selon la revendication 55.
57. Puce à ADN ou filtre selon la revendication 56, caractérisé en ce qu'il contient en outre au moins une séquence nucléotidique d'un micro-organisme autre que *Listeria monocytogenes*, immobilisée sur le support de ladite puce.
- 10 58. Puce à ADN ou filtre selon la revendication 57, caractérisé en ce que le micro-organisme autre est choisi parmi un micro-organisme associé à *Listeria monocytogenes*, une bactérie du genre *Listeria*, et un variant de *Listeria monocytogenes*.
59. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à ADN ou un filtre selon la revendication 56.
- 15 60. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification d'un micro-organisme, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à ADN ou un filtre selon l'une des revendications 57 et 58.
- 20 61. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou la quantification de l'expression d'au moins un gène de *Listeria monocytogenes*, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à ADN ou un filtre selon l'une des revendications 56 à 58.
62. Vecteur de clonage, et/ou d'expression, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4 et 8 à 26.
- 25 63. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 62, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 11.
64. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 62, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 14.
65. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 62, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 9, 19 ou 20.
- 30 66. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 62, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 12, en

particulier codant pour une protéine impliquée dans les mécanismes de sécrétion.

67. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 62, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 24.
- 5 68. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 62, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique codant pour une protéine impliquée dans la résistance et/ou l'adaptation au stress.
69. Cellule hôte, caractérisée en ce qu'elle est transformée par un vecteur selon l'une des revendications 62 à 68.
- 10 70. Cellule hôte selon la revendication 69, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une bactérie appartenant au genre *Listeria*.
71. Cellule hôte selon la revendication 70, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes*.
72. Végétal ou animal, excepté l'Homme, comprenant une cellule transformée selon l'une des revendications 69 à 71.
- 15 73. Procédé de préparation d'un polypeptide, caractérisé en ce que l'on cultive une cellule transformée par un vecteur selon la revendication 62 dans des conditions permettant l'expression dudit polypeptide et que l'on récupère ledit polypeptide recombinant.
- 20 74. Polypeptide recombinant susceptible d'être obtenu par un procédé selon la revendication 73.
75. Procédé de préparation d'un polypeptide synthétique selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, caractérisé en ce que l'on effectue une synthèse chimique dudit polypeptide.
- 25 76. Polypeptide hybride, caractérisé en ce qu'il comprend au moins la séquence d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44 et 74, et une séquence d'un polypeptide susceptible d'induire une réponse immunitaire chez l'homme ou l'animal.
77. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide hybride selon la revendication 76.
- 30 78. Vecteur caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 77.

79. Anticorps monoclonal ou polyclonal, ses fragments, ou anticorps chimérique, caractérisé en ce qu'il est capable de reconnaître spécifiquement un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 ou 76.
80. Anticorps selon la revendication 79, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un anticorps  
5 marqué.
81. Procédé pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un microorganisme associé dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :
- 10 a) mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon l'une des revendications 79 et 80;
- b) mise en évidence du complexe antigène-anticorps éventuellement formé.
82. Procédé pour la détection de l'expression d'un gène de *Listeria monocytogenes* caractérisé en ce que l'on met en contact une souche de *Listeria monocytogenes*, avec un anticorps selon la revendication 79 ou 80 et que l'on détecte le  
15 complexe antigène/anticorps éventuellement formé.
83. Kit ou nécessaire pour la mise en œuvre d'un procédé selon la revendication 81 ou 82, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :
- 20 a) un anticorps selon l'une des revendications 79 et 80;
- b) éventuellement, les réactifs pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique ;
- c) éventuellement, les réactifs permettant la mise en évidence des complexes antigène-anticorps produits par la réaction immunologique.
84. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 et 76, ou anticorps selon l'une des revendications 79 et 80, caractérisé en ce qu'il est immobilisé  
25 sur un support, notamment une puce à protéine.
85. Puce à protéine, caractérisée en ce qu'elle contient au moins un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 et 76, ou au moins un anticorps selon l'une des revendications 79 et 80, immobilisé sur le support de ladite puce.
- 30 86. Puce à protéine selon la revendication 85, caractérisée en ce qu'elle contient en outre au moins un polypeptide de micro-organisme autre que *Listeria monocytogenes* ou au moins un anticorps dirigé contre un composé de micro-

organisme autre que *Listeria monocytogenes*, immobilisé sur le support de ladite puce.

87. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à protéine selon l'une des revendications 85 et 86.
88. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification d'un micro-organisme, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à protéine selon la revendication 86.
89. Procédé de détection et/ou d'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il met en œuvre une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 1 à 4, 8 à 26, 51 à 55 et 77.
90. Procédé selon la revendication 89, caractérisé en ce qu'il comporte les étapes suivantes :
- a) éventuellement, isolement de l'ADN à partir de l'échantillon biologique à analyser, ou obtention d'un ADNc à partir de l'ARN de l'échantillon biologique ;
  - b) amplification spécifique de l'ADN de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé à l'aide d'au moins une amorce selon l'une des revendications 51 à 55 ;
  - c) mise en évidence des produits d'amplification.
91. Procédé selon la revendication 89, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :
- a) mise en contact d'une sonde nucléotidique selon l'une des revendications 51 à 55, avec un échantillon biologique, l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique ayant, le cas échéant, préalablement été rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé ;
  - b) mise en évidence de l'hybride éventuellement formé entre la sonde nucléotidique et l'acide nucléique de l'échantillon biologique.

92. Procédé selon la revendication 89, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :
- a) mise en contact d'une sonde nucléotidique immobilisée sur un support selon la revendication 53 avec un échantillon biologique, l'acide nucléique de l'échantillon ayant, le cas échéant, été préalablement rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé ;
  - b) mise en contact de l'hybride formé entre la sonde nucléotidique immobilisée sur un support et l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique, le cas échéant après élimination de l'acide nucléique de l'échantillon biologique n'ayant pas hybridé avec la sonde, avec une sonde nucléotidique marquée selon la revendication 52 ;
  - c) mise en évidence du nouvel hybride formé à l'étape b).
93. Procédé selon la revendication 92, caractérisé en ce que, préalablement à l'étape a), l'ADN de l'échantillon biologique ou l'ADNc obtenu éventuellement par transcription inverse de l'ARN de l'échantillon, est amplifié à l'aide d'au moins une amorce selon l'une des revendications 51 à 55.
94. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :
- a) une sonde nucléotidique selon l'une des revendications 51 à 55;
  - b) éventuellement, les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation ;
  - c) éventuellement, au moins une amorce selon l'une des revendications 51 à 55 ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.
95. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :
- a) une sonde nucléotidique, dite sonde de capture, selon la revendication 53 ;

- b) une sonde oligonucléotidique, dite sonde de révélation, selon la revendication 52;
  - c) éventuellement, au moins une amorce selon l'une des revendications 51 à 55 ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.
- 5 96. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :
  - a) au moins une amorce selon l'une des revendications 51 à 55;
  - 10 b) éventuellement, les réactifs nécessaires pour effectuer une réaction d'amplification d'ADN ;
  - c) éventuellement, un composant permettant de vérifier la séquence du fragment amplifié, plus particulièrement une sonde oligonucléotidique selon l'une des revendications 51 à 55.
- 15 97. Procédé selon les revendications 81, 82 et 89 à 93 ou kit ou nécessaire selon les revendications 83, 87, 88 et 94 à 96 pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes*, caractérisé en ce que ladite amorce et/ou ladite sonde sont choisies parmi les séquences nucléotidiques selon l'une des revendications 2 à 4, 8 à 26, 51 à 55 et 77
- 20 spécifiques de l'espèce *Listeria monocytogenes*, en ce que lesdits polypeptides sont choisis parmi les polypeptides selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44 et 74 ou 76 spécifiques de l'espèce *Listeria monocytogenes* et en ce que lesdits anticorps sont choisis parmi les anticorps selon l'une des revendications 79 et 80 dirigés contre les polypeptides choisis parmi les polypeptides selon l'une des
- 25 revendications 5 à 7, 26 à 44, 74 ou 76 spécifiques de l'espèce *Listeria monocytogenes*.
- 98. Procédé ou kit ou nécessaire selon la revendication 97, caractérisé en ce que ladite amorce et/ou ladite sonde sont choisies parmi les séquences nucléotidiques codant pour une protéine sécrétée, en ce que lesdits polypeptides
- 30 sont choisis parmi les polypeptides sécrétés et en ce que lesdits anticorps sont choisis parmi les anticorps selon l'une des revendications 79 et 80 dirigés contre des polypeptides sécrétés ou de surface de *Listeria monocytogenes*, lesdits polypeptide étant de préférence SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 41 .



99. Souche de *Listeria monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle contient au moins une mutation dans au moins une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4 ou 8 à 26.
100. Souche de *Listeria monocytogenes* selon la revendication 99, caractérisée en  
5 ce qu'elle contient une mutation dans une séquence nucléotidique selon la revendication 13.
101. Souche de *Listeria monocytogenes* selon la revendication 99, caractérisée en ce qu'elle contient une mutation dans une séquence nucléotidique selon la revendication 14.
- 10 102. Souche de *Listeria monocytogenes* selon la revendication 99, caractérisée en ce qu'elle contient une mutation dans une séquence nucléotidique selon la revendication 9, 19 ou 20.
103. Souche de *Listeria monocytogenes* selon la revendication 99, caractérisée en ce qu'elle contient une mutation dans une séquence nucléotidique selon la  
15 revendication 12, en particulier codant pour une protéine impliquée dans les mécanismes de sécrétion.
104. Souche de *Listeria monocytogenes* selon la revendication 99, caractérisée en ce qu'elle contient une mutation dans une séquence nucléotidique codant pour une protéine impliquée dans la résistance et/ou l'adaptation au stress.
- 20 105. Souche de *Listeria monocytogenes* selon la revendication 99, caractérisée en ce qu'elle contient une mutation dans une séquence nucléotidique codant pour une protéine impliquée dans la biosynthèse de la vitamine B12.
106. Souche de *Listeria monocytogenes* selon l'une des revendications 99 à 105, caractérisée en ce que la mutation mène à une inactivation du gène.
- 25 107. Souche de *Listeria monocytogenes* selon l'une des revendications 99 à 105, caractérisée en ce que la mutation mène à une surexpression du gène.
108. Utilisation d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 et 76 d'une cellule transformée selon l'une des revendications 69 à 71 d'une souche selon la revendication 99 à 107 et/ou d'un animal selon la revendication  
30 72, pour la biosynthèse ou la biodégradation d'un composé d'intérêt.
109. Procédé de biosynthèse ou de biodégradation d'un composé d'intérêt, caractérisé en ce qu'il met en œuvre un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 26 à 44, 74 et 76, une cellule transformée selon l'une des

revendications 69 à 71 une souche selon l'une des revendications 99 à 107 et/ou un animal selon la revendication 72.

110. Utilisation selon la revendication 108 ou procédé selon la revendication 109, caractérisés en ce que le composé d'intérêt est la vitamine B12.
- 5 111. Utilisation d'une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et, 8 à 26, d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 et 76, d'un anticorps selon l'une des revendications 79 et 80, d'une cellule selon l'une des revendications 69 à 71, et/ou d'un animal transformé selon la revendication 72 pour la sélection de composé organique ou inorganique
- 10 capable de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la réplication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez un organisme animal ou humain les pathologies liées à une infection par *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.
- 15 112. Méthode de sélection de composé capable de se lier à un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 et 76, capable de se lier à une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et, 8 à 26, ou capable de reconnaître un anticorps selon l'une des revendications 79 et 80, et/ou capable de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de
- 20 gènes, et/ou de modifier la réplication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes, ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez un organisme animal ou humain les pathologies liées à une infection par *Listeria monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle comprend les étapes suivantes :
- 25 a) mise en contact dudit composé avec ledit polypeptide, ladite séquence nucléotidique, avec une cellule transformée selon l'une des revendications 69 à 71, et/ou administration dudit composé à un animal transformé selon la revendication 72;
- 30 b) détermination de la capacité dudit composé à se lier avec ledit polypeptide ou ladite séquence nucléotidique, ou de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, ou de moduler la croissance ou la réplication cellulaire, ou d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez ledit organisme animal ou humain les pathologies liées

à une infection par *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.

113. Composé susceptible d'être sélectionné par une méthode selon la revendication 112.
- 5 114. Composition pharmaceutique comprenant un composé choisi parmi les composés suivants :
- a) une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, et 8 à 26 ;
  - b) un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74 et 76 ;
  - 10 c) un vecteur selon l'une des revendications 62 à 68, et 78 ;
  - d) un anticorps selon la revendication 79 ou 80 ; et
  - e) un composé selon la revendication 113.
115. Composition selon la revendication 114, éventuellement en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable.
- 15 116. Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 114 et 115 pour la prévention ou le traitement d'une infection par une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.
117. Composition vaccinale, caractérisée en ce qu'elle comprend un ou plusieurs polypeptides selon l'une des revendications 5 à 7, 27 à 44, 74, et/ou un ou
- 20 plusieurs polypeptides hybrides selon la revendication 76.
118. Utilisation d'une cellule selon l'une des revendications 62 à 68, pour la préparation d'une composition vaccinale.
119. Composition vaccinale, caractérisée en ce qu'elle contient un vecteur selon l'une des revendications 62 à 68 et 78, et/ou une cellule selon l'une des
- 25 revendications 69 à 71.
120. Composition vaccinale capable d'induire une réponse immunitaire cellulaire ou humorale pour la prévention ou le traitement d'une infection par bactérie appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou par un micro-organisme associé, caractérisée en ce qu'elle comprend une composition immunogène
- 30 selon l'une des revendications 117 et 119, en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable et, éventuellement un ou plusieurs adjuvants de l'immunité appropriés.

121. Banque d'ADN génomique d'une bactérie du genre *Listeria*, caractérisée en ce que ladite banque d'ADN est clonée dans des chromosomes artificiels de bactéries (BAC).
122. Banque d'ADN génomique selon la revendication 121, caractérisée en ce  
5 que ladite bactérie est *Listeria monocytogenes*.
123. Banque d'ADN génomique selon la revendication 121, caractérisée en ce que ladite bactérie est la souche EGD-e de *Listeria monocytogenes*.
124. Banque selon la revendication 122, caractérisée en ce qu'il s'agit de la  
10 banque LM-baclib déposée à la CNCM le 11 Avril 2000, sous le numéro d'ordre I-2439.
125. Méthode pour l'isolement d'un polynucléotide d'intérêt présent chez une souche de *Listeria* et absente chez une autre souche, caractérisé en ce quelle utilise au moins une banque selon l'une des revendications 121 ou 124.
126. Méthode selon la revendication 125, caractérisée en ce qu'elle comprend les  
15 étapes suivantes :
- a) isoler au moins un polynucléotide contenu dans un clone de la banque d'ADN basée sur un BAC, d'origine de *Listeria*,
  - b) isoler :
    - au moins un polynucléotide génomique ou ADNc d'une *Listeria*, ladite  
20 *Listeria* appartenant à une souche différente de la souche utilisée pour la construction de la banque d'ADN BAC de l'étape a) ou, de façon alternative,
    - au moins un polynucléotide contenu dans un clone d'une banque d'ADN basée sur un BAC préparé à partir du génome d'une *Listeria* qui est  
25 différente de la *Listeria* utilisée pour la construction de la banque d'ADN basée sur le BAC de l'étape a).
  - c) hybrider le polynucléotide de l'étape a) au polynucléotide de l'étape b) ;
  - d) sélectionner les polynucléotides de l'étape a) qui n'ont pas formé de complexe d'hybridation avec les polynucléotides de l'étape b) ;
  - 30 e) caractériser le polynucléotide sélectionné.
127. Banque génomique d'une bactérie du genre *Listeria*.
128. Banque génomique selon la revendication 127, caractérisée en ce que la bactérie est *Listeria monocytogenes*.